

10.08.99

日本国特許庁

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

REC'D 27 SEP 1999
WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日

Date of Application:

1998年 7月24日

出願番号

Application Number:

平成10年特許願第208820号

出願人

Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

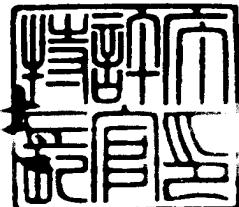
PRIORITY DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年 8月27日

特許庁長官
COMMISSIONER
Patent Office

平佐一達



出願番号 特平11-305978

【書類名】 特許願
【整理番号】 S018160
【提出日】 平成10年 7月24日
【あて先】 特許庁長官殿
【発明の名称】 疣水性ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA
【請求項の数】 6
【発明者】
【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50
【氏名】 加藤 誠志
【発明者】
【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11
【氏名】 山口 知子
【特許出願人】
【代表出願人】
【識別番号】 000173762
【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所
【代表者】 近藤 聖
【電話番号】 0427(42)4791
【特許出願人】
【識別番号】 596134998
【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン
【代表者】 棚井 文雄
【電話番号】 03(3792)1019
【手数料の表示】
【予納台帳番号】 011501
【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1
【物件名】 図面 1
【物件名】 要約書 1
【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号11から配列番号20で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【請求項5】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項6】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAを発現し、請求項1記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローニングされている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長cDNAの全塩基配列を決定してやり、そのcDNAがコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、そのcDNAは分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードするDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは銳意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードするcDNAをクローニングし、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号11から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA、並びにこのDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこのDNAを発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ臍臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティーコロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを錆型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法 [Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2: 161-170 (1982)]、Gubler-Hoffmann法 [Gubler, U. and Hoffmann, J., Gene 25: 263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためにには、実施例にあげたようなキャッシング法 [Kato, S. et al., Gene 150: 243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはブラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

いは配列番号21から配列番号24まで表される塩基配列ないはそれらを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP01550	胃癌	510	125
2、12、22	HP02593	Saos-2	697	131
3、13、23	HP10195	HT-1080	1619	242
4、14、24	HP10423	U-2 OS	1066	264
5、15、25	HP10506	胃癌	618	112
6、16、26	HP10507	胃癌	1021	146
7、17、27	HP10548	胃癌	1432	344
8、18、28	HP10566	胃癌	601	97
9、19、29	HP10567	胃癌	585	124
10、20、30	HP10568	胃癌	1100	327

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリー

ライブラリー(WO95/14217)、手術によって摘出された胃癌組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用いた。個々のライブラリーから

完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクローンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法 [Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157: 105-132 (1982)]により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T_NTウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [³⁵S]メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2μgを、T_NTウサギ網状赤血球溶解物12.5μl、緩衝液（キットに付属）0.5μl、アミノ酸混合液（Metを含まない）2μl、[³⁵S]メチオニン（アマーシャム社）2μl（0.37MBq/μl）、T7RNAポリメラーゼ0.5μl、RNasin 20Uを含む総量25μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ脾臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5μlを添加して行った。反応液3μlにSDSサンプリングバッファー（125mMトリス塩酸緩衝液、pH6.8、120mM2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025%ブロモフェノールブルー、20%グリセロール）2μlを加え、95℃3分間加熱処理した後、SDS-PAGEアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100μg/mlアンピシリン含有2×YT培地2ml中で37℃2時間培養した後、ヘルパーファージM1

3 K O 7 (50 μl) を添加し、37°Cで一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを100 μlの1 mMトリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO₂存在下、37°Cで培養した。1 × 10⁵個のCOS7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3cm) に植え、5%CO₂存在下、37°Cで22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50mMトリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDM EM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1 μl、DMEM 培地0.6ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3 μlを懸濁したもの添加し、5%CO₂存在下、37°Cで3時間培養した。サンプル液を除去後、T DM EMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2ml加え、5%CO₂存在下、37°Cにて2日間培養した。培地を [³⁵S]システィンあるいは [³⁵S]メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質を SDS-PAGEにかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP01550> (配列番号1、11、21)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01550のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、65bpの5'非翻訳領域、378bpのORF、67bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは125アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白

想される分子量は13.7kDa、等電点は約5.5である。翻訳産物が生成しない。

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質 F 4 5 G 2 . c (GenBank アクセション番号 Z 9 3 3 8 2) と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質 F 4 5 G 2 . c (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。一はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、44.5%の相同性を有していた。

【0029】

【表2】

表2

HP	MAKYLAQIIVMGVQVVGRAFARALRQEF-----AASRAAADARGRAGHRSAASNLS-
 * . * . * * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * .
CE	MPWRTALKVALAAGEAVAKALTRAVRDEIKQTQQAAARHAASTGQSASETRENANSNAKL
HP	GLSLQEAAQQILNV-SKLSPEEVQKNYEHLFKVNDKSVGGSFYLQSKVVRAKERLDEEL-K
	*.***.*. **** . *..***.*.*****..**** * ..***** * ****.***. .
CE	GISLEESLQILNVKTPLNREEVEKHYEHLFNINDKSKGTLYLQSKVFRAKERIDEEFGR
HP	IQAQEDREKGQMPHT
*.. .*
CE	IELKEEKKEENAKTE

【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 AA338859）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP02593> (配列番号 2、12、22)

ヒト骨肉腫細胞株 Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローン HP02593 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、103 bp

の5' 非翻訳領域、396 bp のORF、198 bp の3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは131アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インピトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトOB-R遺伝子関連蛋白質（EMBLアクセション番号Y12670）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトOB-R遺伝子関連蛋白質（OB）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、67.9%の相同性を有していた。

【0033】

【表3】

表3

HP	MAGIKALISLSFGGAIGLMFLMLGCALPIYNKYWPLFVLFFYILSPIPYCIARRLVDDTD
	* * * . * * * . * * * * * * * * * * * * * * * . * . * * * * . * . * . * . *
OB	MAGVKALVALSFSGAIGLTFLMLGCALEDYGVYWPLFVLIFHAISPIPHFIAKRVTYDSD
HP	AMSNACKELAIFLTTGIVVSAFGLPIVFARAHLIEWGACALVLTGNTVIFATILGFFLVF
	* * . * * . * * * . * . * * * * * * * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *
OB	ATSSACRELAYFTTGIVVSAFGFPVILARVAVIKWGACGLVLAGNAVIFLTIQGFFLIF
HP	GSNDDFSWQQW
	* . * * * . * *
OB	GRGDDFSWEQW

また、本発明のアミノ酸配列を用いて、蛋白質データベースを検索したところ、図3の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA3

06490)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP10195> (配列番号3、13、23)

ヒトフィブロサルコーマHT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10195のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、286bpの5'非翻訳領域、729bpのORF、604bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは242アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量27,300よりもや大きい32kDaの翻訳産物が生成した。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、アメフラシ(Aplysia)VAP-33(SWISS-PROTアクセション番号P53173)と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質(HP)とアメフラシ(Aplysia)VAP-33(AP)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、46.5%の相同意を有していた。

【0037】

【表4】

表4

HP MAKHEQILVLDPPPTDLKFKGPFDVTTNLKLRNPSDRKVCFVKTTAPRRYCVRPNSGI

.* *.*.*...*.*****..***.*.*..*****.*****

AP MASHEQALILEPAGELRFKGPFDTVTADLKLSNPTDRRIFCFVKTTAPKRYCVRPNSGI

HP IDPGSTVTVSVMLQPFDYDPNEKSKHFMVQTIFAPPNTSD-MEAVWKEAKPDELMDSKL

..**.*....*.*****.*****...** ... * .**.* ..*....*

AP LEPKTSIAVAVMLQPFPNYDPNEKNKHFMVQSMYAPDHVVESQUELLWKDAPPESLMDTKL
 HP RCVFEMPNENDKLNDMEPSK-----AVPLNASQDGMPKP-HSVSLNDTE
 *****.... . . *.* ... **. *.
 AP RCVFEMPDPGSHQAPASDASRATDAGAHFSESALEDPTVASRKETQSPKRVGAVGSAGED
 HP TRKLMEECRKRLQGEMMKLSEENRHLRDEGLRLRKVAHSD--KPGSTSTASFRDNVTSP
 ..** . * *. *.*.*..***.****.***** .* .*.*
 AP VKKLQHELKKAQSEITSLGKGENSQLKDEGIRLRKVAMTDTSPTPLNPSPAPAAVRAFP
 HP SLLVVIAAIFIGFFLGKFIL
 ... *.*...*....*.
 AP PVVYVVAAIILGLIIGKFLL

【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセション番号AA447905）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10423>（配列番号4、14、24）

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリーから得られたクローンHP10423のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、64bpの5'非翻訳領域、795bpのORF、207bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは264アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナル、N末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量29,377とほぼ同じ30kDaの翻訳産物が生成した。

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセション番号D80

116)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP10506> (配列番号5、15、25)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10506のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、53bpの5'非翻訳領域、339bpのORF、226bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは112アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,821とほぼ同じ12kDaの翻訳産物が生成した。

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセション番号AA282544）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10507> (配列番号6、16、26)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10507のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、412bpの5'非翻訳領域、441bpのORF、168bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは146アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナルが、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,347よりやや大きい19kDaの翻訳産物が生成した。

【0044】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセション番号AA4

24759)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0045】

<HP10548>(配列番号7、17、27)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10548のcDNA Aインサートの全塩基配列を決定したところ、330bpの5'非翻訳領域、1035bpのORF、67bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは344アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0046】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの(例えば、アクセション番号AA143152)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10566>(配列番号8、18、28)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10566のcDNA Aインサートの全塩基配列を決定したところ、61bpの5'非翻訳領域、294bpのORF、246bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは97アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,452とほぼ同じ12kDaの翻訳産物が生成した。

このように、同一の蛋白質の相同意を有するもの(例えは、上記で示した番号W143152)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコ

ードしているかどうかは判定できない。

【0048】

<HP10567> (配列番号9、19、29)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10567のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、77bpの5'非翻訳領域、375bpのORF、133bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは124アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量14,484とほぼ同じ14kDaの翻訳産物が生成した。

【0049】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA428475）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0050】

<HP10568> (配列番号10、20、30)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10568のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、56bpの5'非翻訳領域、984bpのORF、60bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは327アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に分泌シグナルが、C末端に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量34,326にほぼ一致する36.5kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる40kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が2箇所（138番目Asn-Leu-Thr、206番目Asn-Leu-Ser）

r) 存在する。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は24番目のバリンから始まると予想される。

[0051]

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト細胞表面A33抗原(SWISS-PROTアクセション番号Q99795)と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒト細胞表面A33抗原(A3)のアミノ酸配列の比較を示す。ーはギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、。は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域243残基において、30.0%の相同性を有していた。

[0052]

[表5]

表 5

HP MAELPGPFLCGALLGFLCLSGLAVEVKVPTEPLSTPLGKTAELTCTYSTSVDGSFAL-EW
...* . *... ***..*** * *.... .* ..
A3 MVGKMWPVLWTLCAVRVTVDAISVETPQDVLRASQGKSVLPCTYHTSTSSREGLIQW
HP SFVQPGKPISESHPILYFTNGHLYPTGSKSKRVSLLQNPPPTVGVATLKLTDVHPSDTGTY
.. . *. * *. * * . * . * .. * .. *..... .*.***
A3 DKLL--LTHTERVVIWPFSNKN-YIHGELYKNRVSISNNAEQSDASITIDQLTMADNGTY
HP LCQVNPPDFYTNGLGLINLTVLVPPSNPLCSQSGQTSGGSTALRCSSSEGAPKPVYNW
* *. *. *. . . * *****.* *. *. *. *....* * *.*. *. *. *.
A3 ECSVSLMSDLEGNTKSRVRLLVLPVPSKPECGIEGETIIGNNIQLTCQSKEGSPTPQYSW
HP VRLGTFPTPSPGSMVQDEVSGQLILTNLSLTSSGTYRCVATNQMGSASCETLSVTEPS-
* ... * ..* . . . *. *. * ..** * *....* . * .. * ..* ..* . **
A3 KRYNILNQEQP--LAQPASGQPVSLKNISTDTSGYYICTSSNEGTQFCNITVAVRSPSM
HP -QGRVAGALIGVII.GVII.I.SVAACI.VRFQKERGKKPKETYGGSDLREDAIAPGISEHTC
A3 .VALYAGIAVGIVVAALIPLIITY-ITVAKRILATIYKRIARI.NKAYEYHIFULKEISW
HP MRADSSKGFLERPSSASTVTTKSKLPMVV

A3 EREEEDDYRQEEQRSTGRESPDHLDQ

【0053】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセション番号T24595）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0054】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0055】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：125

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01550

配列

Met Ala Lys Tyr Leu Ala Gln Ile Ile Val Met Gly Val Gln Val Val			
1	5	10	15
Gly Arg Ala Phe Ala Arg Ala Leu Arg Gln Glu Phe Ala Ala Ser Arg			
20	25	30	
Ala Ala Ala Asp Ala Arg Gly Arg Ala Gly His Arg Ser Ala Ala Ala			
35	40	45	
Ser Asn Leu Ser Gly Leu Ser Leu Gln Glu Ala Gln Gln Ile Leu Asn			
50	55	60	
Val Ser Lys Leu Ser Pro Glu Glu Val Gln Lys Asn Tyr Glu His Leu			
65	70	75	80
Phe Lys Val Asn Asp Lys Ser Val Gly Gly Ser Phe Tyr Leu Gln Ser			
85	90	95	
Lys Val Val Arg Ala Lys Glu Arg Leu Asp Glu Glu Leu Lys Ile Gln			
100	105	110	
Ala Gln Glu Asp Arg Glu Lys Gly Gln Met Pro His Thr			
115	120	125	

【0056】

配列番号：2

配列の長さ：131

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

特許

・ホセラ・アドミラル

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02593

配列

Met Ala Gly Ile Lys Ala Leu Ile Ser Leu Ser Phe Gly Gly Ala Ile			
1	5	10	15
Gly Leu Met Phe Leu Met Leu Gly Cys Ala Leu Pro Ile Tyr Asn Lys			
20	25	30	
Tyr Trp Pro Leu Phe Val Leu Phe Phe Tyr Ile Leu Ser Pro Ile Pro			
35	40	45	
Tyr Cys Ile Ala Arg Arg Leu Val Asp Asp Thr Asp Ala Met Ser Asn			
50	55	60	
Ala Cys Lys Glu Leu Ala Ile Phe Leu Thr Thr Gly Ile Val Val Ser			
65	70	75	80
Ala Phe Gly Leu Pro Ile Val Phe Ala Arg Ala His Leu Ile Glu Trp			
85	90	95	
Gly Ala Cys Ala Leu Val Leu Thr Gly Asn Thr Val Ile Phe Ala Thr			
100	105	110	
Ile Leu Gly Phe Phe Leu Val Phe Gly Ser Asn Asp Asp Phe Ser Trp			
115	120	125	
Gln Gln Trp			
130			

【0057】

配列番号：3

配列の長さ：242

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：フィブロサルコーマ

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10195

配列

Met	Ala	Lys	His	Glu	Gln	Ile	Leu	Val	Leu	Asp	Pro	Pro	Thr	Asp	Leu
1															15
Lys	Phe	Lys	Gly	Pro	Phe	Thr	Asp	Val	Val	Thr	Thr	Asn	Leu	Lys	Leu
	20														30
Arg	Asn	Pro	Ser	Asp	Arg	Lys	Val	Cys	Phe	Lys	Val	Lys	Thr	Thr	Ala
	35														45
Pro	Arg	Arg	Tyr	Cys	Val	Arg	Pro	Asn	Ser	Gly	Ile	Ile	Asp	Pro	Gly
	50														60
Ser	Thr	Val	Thr	Val	Ser	Val	Met	Leu	Gln	Pro	Phe	Asp	Tyr	Asp	Pro
	65														80
Asn	Glu	Lys	Ser	Lys	His	Lys	Phe	Met	Val	Gln	Thr	Ile	Phe	Ala	Pro
															95
Pro	Asn	Thr	Ser	Asp	Met	Glu	Ala	Val	Trp	Lys	Glu	Ala	Lys	Pro	Asp
	100														110
Glu	Leu	Met	Asp	Ser	Lys	Leu	Arg	Cys	Val	Phe	Glu	Met	Pro	Asn	Glu
	115														125
Asn	Asp	Lys	Leu	Asn	Asp	Met	Glu	Pro	Ser	Lys	Ala	Val	Pro	Leu	Asn
	130														140
Ala	Ser	Lys	Gln	Asp	Gly	Pro	Met	Pro	Lys	Pro	His	Ser	Val	Ser	Leu
Asn	Asp	Thr	Ala	Thr	Arg	Lys	Leu	Met	Ala	Ala	Lys	Arg	Leu	Gln	
	165														175

Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg His Leu Arg Asp Glu
 180 185 190
 Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr
 195 200 205
 Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu
 210 215 220
 Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe
 225 230 235 240
 Ile Leu

【0058】

配列番号：4

配列の長さ：264

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列

Met Phe Val Pro Cys Gly Glu Ser Ala Pro Asp Leu Ala Gly Phe Thr
 1 5 10 15
 Leu Leu Met Pro Ala Val Ser Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala Met
 20 25 30
 Asp Leu Ile Ile Ser Thr Leu Asn Met Ser Lys Ile Gly Tyr Phe Tyr
 35 40 45

Thr Asp Cys Leu Val Pro Met Val Gly Asn Asn Pro Tyr Ala Thr Thr
 50 55 60
 Glu Gly Asn Ser Thr Glu Leu Ser Ile Asn Ala Glu Val Tyr Ser Leu
 65 70 75 80
 Pro Ser Arg Lys Leu Val Ala Leu Gln Leu Arg Ser Ile Phe Ile Lys
 85 90 95
 Tyr Lys Ser Lys Pro Phe Cys Glu Lys Leu Leu Ser Trp Val Lys Ser
 100 105 110
 Ser Gly Cys Ala Arg Val Ile Val Leu Ser Ser Ser His Ser Tyr Gln
 115 120 125
 Arg Asn Asp Leu Gln Leu Arg Ser Thr Pro Phe Arg Tyr Leu Leu Thr
 130 135 140
 Pro Ser Met Gln Lys Ser Val Gln Asn Lys Ile Lys Ser Leu Asn Trp
 145 150 155 160
 Glu Glu Met Glu Lys Ser Arg Cys Ile Pro Glu Ile Asp Asp Ser Glu
 165 170 175
 Phe Cys Ile Arg Ile Pro Gly Gly Ile Thr Lys Thr Leu Tyr Asp
 180 185 190
 Glu Ser Cys Ser Lys Glu Ile Gln Met Ala Val Leu Leu Lys Phe Val
 195 200 205
 Ser Glu Gly Asp Asn Ile Pro Asp Ala Leu Gly Leu Val Glu Tyr Leu
 210 215 220
 Asn Glu Trp Leu Gln Ile Leu Lys Pro Leu Ser Asp Asp Pro Thr Val
 225 230 235 240
 Ser Ala Ser Arg Trp Lys Ile Pro Ser Ser Trp Arg Leu Leu Phe Gly
 245 250 255

配列番号：5

配列の長さ：112

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10506

配列

Met	Gly	Ser	Arg	Leu	Ser	Gln	Pro	Phe	Glu	Ser	Tyr	Ile	Thr	Ala	Pro
1															15
Pro	Gly	Thr	Ala	Ala	Ala	Pro	Ala	Lys	Pro	Ala	Pro	Pro	Ala	Thr	Pro
	20							25							30
Gly	Ala	Pro	Thr	Ser	Pro	Ala	Glu	His	Arg	Leu	Leu	Lys	Thr	Cys	Trp
	35						40								45
Ser	Cys	Arg	Val	Leu	Ser	Gly	Leu	Gly	Leu	Met	Gly	Ala	Gly	Gly	Tyr
	50						55								60
Val	Tyr	Trp	Val	Ala	Arg	Lys	Pro	Met	Lys	Met	Gly	Tyr	Pro	Pro	Ser
	65						70								80
Pro	Trp	Thr	Ile	Thr	Gln	Met	Val	Ile	Gly	Leu	Ser	Ile	Ala	Thr	Trp
							85								95
Gly	Ile	Val	Val	Met	Ala	Asp	Pro	Lys	Gly	Lys	Ala	Tyr	Arg	Val	Val
							100								110

【0060】

配列番号：6

配列の長さ：146

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10507

配列

Met	Leu	Ala	Gly	Ala	Gly	Arg	Pro	Gly	Leu	Pro	Gln	Gly	Arg	His	Leu
1															15
Cys	Trp	Leu	Leu	Cys	Ala	Phe	Thr	Leu	Lys	Leu	Cys	Gln	Ala	Glu	Ala
20															30
Pro	Val	Gln	Glu	Glu	Lys	Leu	Ser	Ala	Ser	Thr	Ser	Asn	Leu	Pro	Cys
35															45
Trp	Leu	Val	Glu	Glu	Phe	Val	Val	Ala	Glu	Glu	Cys	Ser	Pro	Cys	Ser
50															
Asn	Phe	Arg	Ala	Lys	Thr	Thr	Pro	Glu	Cys	Gly	Pro	Thr	Gly	Tyr	Val
65															80
Glu	Lys	Ile	Thr	Cys	Ser	Ser	Lys	Arg	Asn	Glu	Phe	Lys	Ser	Cys	
85															95
Arg	Ser	Ala	Leu	Met	Glu	Gln	Arg	Leu	Phe	Trp	Lys	Phe	Glu	Gly	Ala
100															110
Val	Val	Cys	Val	Ala	Leu	Ile	Phe	Ala	Cys	Leu	Val	Ile	Ile	Arg	Gln
115															125
Arg	Gln	Leu	Asp	Arg	Lys	Ala	Leu	Glu	Lys	Val	Arg	Lys	Gln	Ile	Glu
130															140

14

【0061】

配列番号：7

配列の長さ：344

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：N○

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローニ名：HP10548

配列

Met Asp Phe Leu Val Leu Phe Leu Phe Tyr Leu Ala Ser Val Leu Met

1 5 10 15

Gly Leu Val Leu Ile Cys Val Cys Ser Lys Thr His Ser Leu Lys Gly

20 25 30

Leu Ala Arg Gly Gly Ala Gln Ile Phe Ser Cys Ile Ile Pro Glu Cys

35 40 45

Leu Gln Arg Ala Val His Gly Leu Leu His Tyr Leu Phe His Thr Arg

50 55 60

Asn His Thr Phe Ile Val Leu His Leu Val Leu Gln Gly Met Val Tyr

65 70 75 80

Thr Glu Tyr Thr Trp Glu Val Phe Gly Tyr Cys Gln Glu Leu Glu Leu

85 90 95

Ser Leu His Tyr Leu Leu Pro Tyr Leu Leu Leu Gly Val Asn Leu

100 105 110

Phe Phe Phe Thr Leu Thr Cys Gly Thr Asn Pro Gly Ile Ile Thr Lys

115 120 125

Ala Asn Glu Leu Leu Phe Leu His Val Tyr Glu Phe Asp Glu Val Met

130 135 140

Phe Pro Lys Asn Val Arg Cys Ser Thr Cys Asp Leu Arg Lys Pro Ala
 145 150 155 160
 Arg Ser Lys His Cys Ser Val Cys Asn Trp Cys Val His Arg Phe Asp
 165 170 175
 His His Cys Val Trp Val Asn Asn Cys Ile Gly Ala Trp Asn Ile Arg
 180 185 190
 Tyr Phe Leu Ile Tyr Val Leu Thr Leu Thr Ala Ser Ala Ala Thr Val
 195 200 205
 Ala Ile Val Ser Thr Thr Phe Leu Val His Leu Val Val Met Ser Asp
 210 215 220
 Leu Tyr Gln Glu Thr Tyr Ile Asp Asp Leu Gly His Leu His Val Met
 225 230 235 240
 Asp Thr Val Phe Leu Ile Gln Tyr Leu Phe Leu Thr Phe Pro Arg Ile
 245 250 255
 Val Phe Met Leu Gly Phe Val Val Val Leu Ser Phe Leu Leu Gly Gly
 260 265 270
 Tyr Leu Leu Phe Val Leu Tyr Leu Ala Ala Thr Asn Gln Thr Thr Asn
 275 280 285
 Glu Trp Tyr Arg Gly Asp Trp Ala Trp Cys Gln Arg Cys Pro Leu Val
 290 295 300
 Ala Trp Pro Pro Ser Ala Glu Pro Gln Val His Arg Asn Ile His Ser
 305 310 315 320
 His Gly Leu Arg Ser Asn Leu Gln Glu Ile Phe Leu Pro Ala Phe Pro
 325 330 335
 Cys His Glu Arg Lys Lys Gln Glu
 340

配列番号 : 5

配列の長さ : 97

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：N○

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10566

配列

Met	Thr	Lys	Lys	Lys	Arg	Glu	Asn	Leu	Gly	Val	Ala	Leu	Glu	Ile	Asp
1															
Gly	Leu	Glu	Glu	Lys	Leu	Ser	Gln	Cys	Arg	Arg	Asp	Leu	Glu	Ala	Val
20															
Asn	Ser	Arg	Leu	His	Ser	Arg	Glu	Leu	Ser	Pro	Glu	Ala	Arg	Arg	Ser
35															
Leu	Glu	Lys	Glu	Lys	Asn	Ser	Leu	Met	Asn	Lys	Ala	Ser	Asn	Tyr	Glu
50															
Gly	Glu	Leu	Lys	Phe	Leu	Arg	Gln	Glu	Asn	Arg	Lys	Asn	Met	Leu	Leu
65															
Ser	Val	Ala	Ile	Phe	Ile	Leu	Leu	Thr	Leu	Val	Tyr	Ala	Tyr	Trp	Thr
85															
90															
95															

Met

【0063】

配列番号：9

配列の長さ：124

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10567

配列

Met	Ala	Thr	Ser	Ser	Met	Ser	Lys	Gly	Cys	Phe	Val	Phe	Lys	Pro	Asn
1															15
Ser	Lys	Lys	Arg	Lys	Ile	Ser	Leu	Pro	Ile	Glu	Asp	Tyr	Phe	Asn	Lys
															30
Gly	Lys	Asn	Glu	Pro	Glu	Asp	Ser	Lys	Leu	Arg	Phe	Glu	Thr	Tyr	Gln
															45
Leu	Ile	Trp	Gln	Gln	Met	Lys	Ser	Glu	Asn	Glu	Arg	Leu	Gln	Glu	Glu
															60
Leu	Asn	Lys	Asn	Leu	Phe	Asp	Asn	Leu	Ile	Glu	Phe	Leu	Gln	Lys	Ser
															80
His	Ser	Gly	Phe	Gln	Lys	Asn	Ser	Arg	Asp	Leu	Gly	Gly	Gln	Ile	Lys
															95
Leu	Arg	Glu	Ile	Pro	Thr	Ala	Ala	Leu	Val	Leu	Gly	Ile	Tyr	Ala	Tyr
															110
Val	Cys	Ser	Cys	Met	His	Leu	Cys	Val	Phe	Arg	Phe				
															120

【0064】

配列番号：10

配列の長さ：327

配列の型：アミノ酸

右

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10568

配列

Met	Ala	Glu	Leu	Pro	Gly	Pro	Phe	Leu	Cys	Gly	Ala	Leu	Leu	Gly	Phe
1								10							15
Leu	Cys	Leu	Ser	Gly	Leu	Ala	Val	Glu	Val	Lys	Val	Pro	Thr	Glu	Pro
								25							30
Leu	Ser	Thr	Pro	Leu	Gly	Lys	Thr	Ala	Glu	Leu	Thr	Cys	Thr	Tyr	Ser
								40							45
Thr	Ser	Val	Gly	Asp	Ser	Phe	Ala	Leu	Glu	Trp	Ser	Phe	Val	Gln	Pro
								55							60
Gly	Lys	Pro	Ile	Ser	Glu	Ser	His	Pro	Ile	Leu	Tyr	Phe	Thr	Asn	Gly
	65				70					75					80
His	Leu	Tyr	Pro	Thr	Gly	Ser	Lys	Ser	Lys	Arg	Val	Ser	Leu	Leu	Gln
									85						95
Asn	Pro	Pro	Thr	Val	Gly	Val	Ala	Thr	Leu	Lys	Leu	Thr	Asp	Val	His
								100							110
Pro	Ser	Asp	Thr	Gly	Thr	Tyr	Leu	Cys	Gln	Val	Asn	Asn	Pro	Pro	Asp
								115							125
Phe	Tyr	Thr	Asn	Gly	Leu	Gly	Leu	Ile	Asn	Leu	Thr	Val	Leu	Val	Pro
								130			135				140
Pro	Ser	Asn	Pro	Leu	Cys	Ser	Gln	Ser	Gly	Gln	Thr	Ser	Val	Gly	Gly
	145				150					155					160
Ser	Thr	Ala	Leu	Arg	Cys	Ser	Ser	Ser	Glu	Gly	Ala	Pro	Lys	Pro	Val
									165		170				175
Tyr	Asn	Trp	Val	Arg	Leu	Gly	Thr	Phe	Pro	Thr	Pro	Ser	Pro	Gly	Ser
								180			185				190

Met Val Gln Asp Glu Val Ser Gly Gln Leu Ile Leu Thr Asn Leu Ser
 195 200 205
 Leu Thr Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Cys Val Ala Thr Asn Gln Met Gly
 210 215 220
 Ser Ala Ser Cys Glu Leu Thr Leu Ser Val Thr Glu Pro Ser Gln Gly
 225 230 235 240
 Arg Val Ala Gly Ala Leu Ile Gly Val Leu Leu Gly Val Leu Leu
 245 250 255
 Ser Val Ala Ala Phe Cys Leu Val Arg Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys
 260 265 270
 Lys Pro Lys Glu Thr Tyr Gly Gly Ser Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ile
 275 280 285
 Ala Pro Gly Ile Ser Glu His Thr Cys Met Arg Ala Asp Ser Ser Lys
 290 295 300
 Gly Phe Leu Glu Arg Pro Ser Ser Ala Ser Thr Val Thr Thr Lys
 305 310 315 320
 Ser Lys Leu Pro Met Val Val
 325

配列番号：11

配列の長さ：375

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

原作者：未知

登録者名：日本学術会議

配列

ATGGCCAAGT ACCTGGCCCA GATCATTGTG ATGGGCGTGC AGGTGGTGGG CAGGGCCTTT	60
GCACGGGCCT TGCGGCAGGA GTTGCGGCC AGCCGGGCCG CAGCTGATGC CCGAGGACGC	120
GCTGGACACC GGTCTGCAGC CGCTTCCAAC CTCTCCGGCC TCAGCCTCCA GGAGGCACAG	180
CAGATTCTCA ACGTGTCCAA GCTGAGCCCT GAGGAGGTCC AGAAGAACTA TGAACACTTA	240
TTTAAGGTGA ATGATAAACG CGTGGGTGGC TCCTTCTACC TGCAGTCAAA GGTGGTCCGC	300
GCAAAGGAGC GCCTGGATGA GGAACTCAAATCCAGGCC AGGAGGACAG AGAAAAAGGG	360
CAGATGCCCG ATACG	375

【0065】

配列番号：12

配列の長さ：393

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02593

配列

ATGGCAGGCC TCAAAGCTTT GATTAGTTG TCCTTGAG GAGCAATCGG ACTGATGTTT	60
TTGATGCTTG GATGTGCCCT TCCAATATAC AACAAATACT GGCCCCTCTT TGTTCTATT	120
TTTACATCC TTTCACCTAT TCCATACTGC ATAGCAAGAA GATTAGTGGATGAGAT	180
GCTATGAGTA ACGCTTGTAA GGAACTTGCC ATCTTCTTA CAACGGGCAT TGCGTGTCA	240
GCTTTGGAC TCCCTATTGT ATTTGCCAGA GCACATCTGA TTGAGTGGGG AGCTTGTGCA	300
CTTGTCTCA CAGGAAACAC AGTCATCTT GCAACTATAC TAGGCTTTT CTTGGTCTT	360
GGAAGCAATG ACGACTTCAG CTGGCAGCAG TGG	393

【0066】

配列番号：13

配列の長さ： 726

配列の型： 核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー： 直鎖状

配列の種類： cDNA to mRNA

起源：

生物名： ホモ=サピエンス

細胞の種類： フィブロサルコーマ

セルライン： HT-1080

クローン名： HP10195

配列

ATGGCGAAGC ACGAGCAGAT CCTGGTCCTC GATCCGCCCA CAGACCTCAA ATTCAAAGGC	60
CCCTTCACAG ATGTAGTCAC TACAAATCTT AAATTGCGAA ATCCATCGGA TAGAAAAGTG	120
TGTTTCAAAG TGAAGACTAC AGCACCTCGC CGGTACTGTG TGAGGCCAA CAGTGGATT	180
ATTGACCCAG GGTCAACTGT GACTGTTCA GTAATGCTAC AGCCCTTGA CTATGATCCG	240
AATGAAAAGA GTAAACACAA GTTTATGGTA CAGACAATT TTGCTCCACC AAACACTTCA	300
GATATGGAAG CTGTGTGGAA AGAGGCAAAA CCTGATGAAT TAATGGATTC CAAATTGAGA	360
TGCGTATTG AAATGCCAA TGAAAATGAT AAATTGAATG ATATGGAACC TAGCAAAGCT	420
GTTCCACTGA ATGCATCTAA GCAAGATGGA CCTATGCCAA AACACACAG TGTTCACTT	480
AATGATAACCG AAACAAGGAA ACTAATGGAA GAGTGTAAA GACTTCAGGG AGAAATGATG	540
AAGCTATCAG AAGAAAATCG GCACCTGAGA GATGAAGGTT TAAGGCTCAG AAAGGTAGCA	600
CATTCCGATA AACCTGGATC AACCTCAACT GCATCCTTCA GAGATAATGT CACCACTCCT	660
CTTCCTTCAC TTCTTGTGT AATTGCAGCC ATTTTCATTG GATTCTTCT AGGGAAATTG	720
ATCTTG	726

【0067】

配列番号： 14

配列の型： 核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列

ATGTTCGTTC CCTGCAGGGAA GTCGGCCCC GACCTTGCCG GCTTCACCCCT CCTAATGCCA	60
GCAGTATCTG TTGGAAATGT TGGCCAGCTT GCAATGGATC TGATTATTTC TACACTGAAT	120
ATGTCTAAGA TTGGTTACTT CTATACCGAT TGTCTTGTGC CAATGGTTGG AAACAATCCA	180
TATGCGACCA CAGAAGGAAA TTCAACAGAA CTTAGCATAA ATGCTGAAGT GTATTCAATTG	240
CCTTCAAGAA AGCTGGTGGC TCTACAGTTA AGATCCATT TTATTAAGTA TAAATCAAAG	300
CCATTCTGTG AAAAAGTGT TTCCTGGGTG AAAAGCAGTG GCTGTGCCAG AGTCATTGTT	360
CTTCGAGCA GTCATTCATA TCAGCGTAAT GATCTGCAGC TTCGTAGTAC TCCCTTCCGG	420
TACCTACTTA CACCTTCCAT GCAAAAAAGT GTTCAAAATA AAATAAAGAG CCTTAACGG	480
GAAGAAATGG AAAAAGCCG GTGCATTCT GAAATAGATG ATTCCGAGTT TTGTATCCGC	540
ATTCCGGGAG GAGGTATCAC AAAAACACTC TATGATGAAA GCTGTTCTAA AGAAATCCAA	600
ATGGCAGTTC TGCTGAAATT TGTTTCAGAA GGGGACAACA TCCCAGATGC ATTAGGTCTT	660
GTTGAGTATC TTAATGAGTG GCTTCAGATA CTCAAACCAC TTAGCGATGA CCCCACAGTA	720
TCTGCCTCAC GGTGGAAAAT ACCAAGTTCT TGGAGATTAC TCTTTGGCAG TGGTCTTCCC	780
CCTGCACTTT TC	792

【0068】

配列番号：15

配列の長さ：336

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10506

配列

ATGGGGTCTC GGTTGTCCCA GCCTTTGAG TCCTATATCA CTGCGCCTCC CGGTACCGCC	60
GCCGCGCCCG CCAAACCTGC GCCCCCAGCT ACACCCGGAG CGCCGACCTC CCCAGCAGAA	120
CACCGCCTGT TGAAGACCTG CTGGAGCTGT CGCGTGCTTT CTGGGTTGGG GCTGATGGGG	180
GCAGGGCGGGT ACGTGTACTG GGTGGCACGG AAGCCCATGA AGATGGGATA CCCCCCGAGT	240
CCATGGACCA TTACGCAGAT GGTCACTGGC CTCAGCATTG CCACCTGGGG TATCGTTGTC	300
ATGGCAGACC CCAAAGGGAA GGCCTACCGC GTTGT	336

【0069】

配列番号：16

配列の長さ：438

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10507

配列

ATGCTTGGGG GTGCCGGGAG GCCTGGCCTC CCCCAGGGCC GCCACCTCTG CTGGGTTGCTC	60
TGTGCTTCA CCTTAAAGCT CTGCCAAGCA GAGGCTCCCG TGCAGGAAGA GAAGCTGTCA	120
GCAAGCACCT CAAATTGCC ATGCTGGCTG GTGGAAGAGT TTGTGGTAGC AGAAGAGTGC	180

...AGAAAAATCA TATGTAAGT T AATTAAGAGA AAAGGATTTA AAAGGTTTGT T T T AAGTTGCTC
 ATGGAACAAAC GCTTATTTG GAAGTTGAA GGGGCTGTGCG TGTGTGTGGC CCTGATCTTC 360

GCTTGTCTTG TCATCATTG TCAGCGACAA TTGGACAGAA AGGCTCTGGA AAAGGTCCGG	420
AAGCAAATCG AGTCCATA	438

【0070】

配列番号：17

配列の長さ：1032

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10548

配列

ATGGACTTTC TGGCCTCTT CTTGTTCTAC CTGGCTTCGG TGCTGATGGG TCTTGTCTT	60
ATCTGCGTCT GCTCGAAAAC CCATAGCTTG AAAGGCCTGG CCAGGGGAGG AGCACAGATA	120
TTTCCTGTA TAATTCCAGA ATGTCTTCAG AGAGCCGTGC ATGGATTGCT TCATTACCTT	180
TTCCATACGA GAAACCACAC CTTCAATTGTC CTGCACCTGG TCTTGCAAGG GATGGTTTAT	240
ACTGAGTACA CCTGGGAAGT ATTTGGCTAC TGTCAGGAGC TGGAGTTGTC CTTGCATTAC	300
CTTCTTCTGC CCTATCTGCT GCTAGGTGTA AACCTGTTT TTTTCACCCCT GACTTGTGGA	360
ACCAATCCTG GCATTATAAC AAAAGCAAAT GAATTATTAT TTCTTCATGT TTATGAATT	420
GATGAAGTGA TGTTCCAAA GAACGTGAGG TGCTCTACTT GTGATTTAAG GAAACCAGCT	480
CGATCCAAGC ACTGCAGTGT GTGTAACCTGG TGTGTGCACC GTTTCGACCA TCACTGTGTT	540
TGGGTGAACA ACTGCATCGG GGCCTGGAAC ATCAGGTACT TCCTCATCTA CGTCTTGACC	600
TTGACGGCCT CGGCTGCCAC CGTCGCCATT GTGAGCACCA CTTTTCTGGT CCACITGGTG	660
GTGATGTCAG ATTTATACCA GGAGACTTAC ATCGATGACC TTGGACACCT CCATGTTATG	720
GACACGGTCT TTCTTATTCA GTACCTGTTC CTGACTTTTC CACGGATTGT CTTCATGCTG	780
GGCTTTGTCG TGGTTCTGAG CTTCCTCCTG GGTGGCTACC TGTTGTTGT CCTGTATCTG	840
CGGGCCACCA ACCAGACTAC TAACGAGTGG TACAGAGGTG ACTGGGCCTG GTGCCAGCGT	900

TGTCCCTTG TGGCCTGGCC TCCGTCAGCA GAGCCCCAAG TCCACCGGAA CATTCACTCC 960
 CATGGGCTTC GGAGCAACCT TCAAGAGATC TTTCTACCTG CCTTTCCATG TCATGAGAGG 1020
 AAGAAACAAG AA 1032

【0071】

配列番号：18

配列の長さ：291

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10566

配列

ATGACTAAAA AGAACGGGA GAATCTGGGC GTCGCTCTAG AGATCGATGG GCTAGAGGAG 60
 AAGCTGTCCC AGTGTGGAG AGACCTGGAG GCCGTGAAC CCAGACTCCA CAGCCGGGAG 120
 CTGAGCCCAG AGGCCAGGAG GTCCCTGGAG AAGGAGAAAA ACAGCCTAAT GAACAAAGCC 180
 TCCAACTACG AGAAGGAACG GAAGTTCTT CGGCAAGAGA ACCGGAAGAA CATGCTGCTC 240
 TCTGTGGCCA TCTTTATCCT CCTGACGCTC GTCTATGCCT ACTGGACCAT G 291

【0072】

配列番号：19

配列の長さ：372

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10567

配列

ATGGCTACGT CCTCGATGTC TAAGGGTTGC TTTGTTTTA AGCCAAACTC CAAAAAGAGA	60
AAGATCTCTC TGCCAATAGA GGACTATTAA AACAAAGGGA AAAATGAGCC TGAGGACAGT	120
AAGCTTCGAT TCGAAACTTA TCAGTTGATA TGGCAGCAGA TGAAATCTGA AAATGAGCGA	180
CTACAAGAGG AATTAAATAA AAACTTGTTT GACAATCTGA TTGAATTCT GCAAAAATCA	240
CATTCTGGAT TCCAGAAGAA TTCAAGAGAC TTGGGCGGTC AAATAAAACT CAGAGAAATT	300
CCAACTGCTG CTCTTGTCT TGGTATATAT GCGTATGTTT GTTCATGCAT GCATCTCTGT	360
GTATTCGTT TT	372

【0073】

配列番号：20

配列の長さ：981

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10568

配列

ATGGCCGAGC TCCCGGGGCC CTTTCTCTGC GGGGCCCTGC TAGGCTTCCT GTGCCTGAGT	60
GGGCTGGCCG TGGAGGTGAA GGTACCCACA GAGCCGCTGA GCACGCCCT GGGGAAGACA	120
GCCGAGCTGA CCTGCACCTA CAGCACGTCG GTGGGAGACA GCTTCGCCCT GGAGTGGAGC	180
TTTGTGCAGC CTGGGAAACC CATCTCTGAG TCCCCTCAA TCCTGTACTT CACCAATGGC	240
CATCTGTATC CAACTGGTTC TAAGTCAAAG CGGGTCAGCC TGCTTCAGAA CCCCCCCCACA	300
GTGGGGGTGG CCACACTGAA ACTGACTGAC GTCCACCCCT CAGATACTGG AACCTACCTC	360
TGCCAAGTCA ACAACCCACC AGATTTCTAC ACCAATGGGT TGGGCTAAT CAACCTTACT	420

GTCCTGGTTC	CCCCCAGTAA	TCCCTTATGC	AGTCAGAGTG	GACAAACCTC	TGTGGGAGGC	480
TCTACTGCAC	TGAGATGCAG	CTCTTCCGAG	GGGGCTCCTA	AGCCAGTGT	CAACTGGGTG	540
CGTCTTGAA	CTTTCCCTAC	ACCTTCTCCT	GGCAGCATGG	TTCAAGATGA	GGTGTCTGGC	600
CAGCTCATT	TCACCAACCT	CTCCCTGACC	TCCTCGGGCA	CCTACCGCTG	TGTGCCACC	660
AACCAGATGG	GCAGTGCATC	CTGTGAGCTG	ACCCCTCTTG	TGACCGAAC	CTCCCAAGGC	720
CGAGTGGCCG	GAGCTCTGAT	TGGGGTGCTC	CTGGGCGTGC	TGTTGCTGTC	AGTTGCTGCG	780
TTCTGCCTGG	TCAGGTTCCA	GAAAGAGAGG	GGGAAGAAC	CCAAGGAGAC	ATATGGGGT	840
AGTGACCTTC	GGGAGGATGC	CATCGCTCCT	GGGATCTCTG	AGCACACTTG	TATGAGGGCT	900
GATTCTAGCA	AGGGGTTCC	GGAAAGACCC	TCGTCTGCCA	GCACCGTGAC	GACCACCAAG	960
TCCAAGCTCC	CTATGGTCGT	G				981

配列番号：21

配列の長さ： 510

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：H P 0 1 5 5 0

配列の特徴：

特徴を表す記号：C D S

存在位置: 6 6 . . 4 4 3

特徴を決定した方法：E

配列

ACGCTTGATC CCCGGCCGCG GGGCCAGGAA GTCGGAGTTT GAGCCCCGA GGCAGAGCGG 60

set Maatsveld een Maatschappelijke wetenschap van de vrije en van de

1

5

10

15

GTG	GCC	AGG	GCC	TTT	GCA	CGG	GCC	TTG	CGG	CAG	GAG	TTT	GCA	GCC	AGC		158
Val	Gly	Arg	Ala	Phe	Ala	Arg	Ala	Leu	Arg	Gln	Glu	Phe	Ala	Ala	Ser		
			20					25					30				
CGG	GCC	GCA	GCT	GAT	GCC	CGA	GGG	CGC	GCT	GGG	CAC	CGG	TCT	GCA	GCC		206
Arg	Ala	Ala	Ala	Asp	Ala	Arg	Gly	Arg	Ala	Gly	His	Arg	Ser	Ala	Ala		
			35					40				45					
GCT	TCC	AAC	CTC	TCC	GGC	CTC	AGC	CTC	CAG	GAG	GCA	CAG	CAG	ATT	CTC		254
Ala	Ser	Asn	Leu	Ser	Gly	Leu	Ser	Leu	Gln	Glu	Ala	Gln	Gln	Ile	Leu		
			50					55				60					
AAC	GTG	TCC	AAG	CTG	AGC	CCT	GAG	GAG	GTC	CAG	AAG	AAC	TAT	GAA	CAC		302
Asn	Val	Ser	Lys	Leu	Ser	Pro	Glu	Glu	Val	Gln	Lys	Asn	Tyr	Glu	His		
			65				70			75							
TTA	TTT	AAG	GTG	AAT	GAT	AAA	TCC	GTG	GGT	GGC	TCC	TTC	TAC	CTG	CAG		350
Leu	Phe	Lys	Val	Asn	Asp	Lys	Ser	Val	Gly	Gly	Ser	Phe	Tyr	Leu	Gln		
			80				85			90			95				
TCA	AAG	GTG	GTC	CGC	GCA	AAG	GAG	CGC	CTG	GAT	GAG	GAA	CTC	AAA	ATC		398
Ser	Lys	Val	Val	Arg	Ala	Lys	Glu	Arg	Leu	Asp	Glu	Glu	Leu	Lys	Ile		
			100					105				110					
CAG	GCC	CAG	GAG	GAC	AGA	GAA	AAA	GGG	CAG	ATG	CCC	CAT	ACG	TGACTGCTC		450	
Gln	Ala	Gln	Glu	Asp	Arg	Glu	Lys	Gly	Gln	Met	Pro	His	Thr				
			115					120			125						
GCTCCCCCG	CCCACCCCGC	CGCCTCTAAT	TTATAGCTTG	GTAATAAATT	TCTTTCTGC											510	

【0074】

配列番号：22

配列の長さ：697

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02593

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：104..499

特徴を決定した方法：E

配列

ACTTCCGGGT GTTGTCTGGC CGCCGTAGCG CGTCTTGGGT CTCCCGGCTG CCGCTGCTGC	60		
CGCCGCCGCC TCGGGTCGTG GAGCCAGGAG CGACGTCACC GCC ATG GCA GGC ATC	115		
Met Ala Gly Ile			
1			
AAA GCT TTG ATT AGT TTG TCC TTT GGA GGA GCA ATC GGA CTG ATG TTT	163		
Lys Ala Leu Ile Ser Leu Ser Phe Gly Gly Ala Ile Gly Leu Met Phe			
5	10	15	20
TTG ATG CTT GGA TGT GCC CTT CCA ATA TAC AAC AAA TAC TGG CCC CTC	211		
Leu Met Leu Gly Cys Ala Leu Pro Ile Tyr Asn Lys Tyr Trp Pro Leu			
25	30	35	
TTT GTT CTA TTT TAC ATC CTT TCA CCT ATT CCA TAC TGC ATA GCA	259		
Phe Val Leu Phe Phe Tyr Ile Leu Ser Pro Ile Pro Tyr Cys Ile Ala			
40	45	50	
AGA AGA TTA GTG GAT GAT ACA GAT GCT ATG AGT AAC GCT TGT AAG GAA	307		
Arg Arg Leu Val Asp Asp Thr Asp Ala Met Ser Asn Ala Cys Lys Glu			
55	60	65	
Leu Ala Ile Ile Leu Thr Thr Asp Ile Val Val Ser Ala The Gly Leu			
70	75	80	

CCT ATT GTA TTT GCC AGA GCA CAT CTG ATT GAG TGG GGA GCT TGT GCA	403		
Pro Ile Val Phe Ala Arg Ala His Leu Ile Glu Trp Gly Ala Cys Ala			
85	90	95	100
CTT GTT CTC ACA GGA AAC ACA GTC ATC TTT GCA ACT ATA CTA GGC TTT	451		
Leu Val Leu Thr Gly Asn Thr Val Ile Phe Ala Thr Ile Leu Gly Phe			
105	110	115	
TTC TTG GTC TTT GGA AGC AAT GAC GAC TTC AGC TGG CAG CAG TGG TGAA	500		
Phe Leu Val Phe Gly Ser Asn Asp Asp Phe Ser Trp Gln Gln Trp			
120	125	130	
AAGAAATTAC TGAACATTG TCAAATGGAC TTCCCTGTCAT TTGTTGGCCA TTCACGCACA	560		
CAGGAGATGG GGCAGTTAAT GCTGAATGGT ATAGCAAGCC TCTTGGGGGT ATTTTAGGTG	620		
CTCCCTTCTC ACTTTTATTG TAAGCATACT ATTTTCACAG AGACTTGCTG AAGGATTAAA	680		
AGGATTTCT CTTTGG	697		

【0075】

配列番号：23

配列の長さ：1619

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：フィブロサルコーマ

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10195

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：287..1015

特徴を決定した方法：E

配列

GCAGAGGCCG	TCACGTGGGT	CGCCGAGGCT	CGCAAGTGCG	CGTGGCCGTG	GCGGCTGGTG	60
TGGGGTTGAG	TCAGTTGTGG	GACCCGGAGC	TGCTGACCCA	GCAGGTGGCC	CACCGAACCG	120
GTGACACAGC	GGCAGGCCGT	AGGGCTCGGG	AGCCGCGAGC	CTGGCCTCGT	CCTAGAGCTC	180
GGCCGAGCCG	TCGCCGCCGT	CGTCCCCCGC	CCCCAGTCAG	CAAACCGCCG	CCGCAGGGCGC	240
GCCCCCGCTC	TGCGCTGTCT	CTCCGATGGC	GTCCGCCTCA	GGGGCC	ATG GCG AAG	295

Met Ala Lys

		1														
CAC	GAG	CAG	ATC	CTG	GTC	CTC	GAT	CCG	CCC	ACA	GAC	CTC	AAA	TTC	AAA	343
His	Glu	Gln	Ile	Leu	Val	Leu	Asp	Pro	Pro	Thr	Asp	Leu	Lys	Phe	Lys	
5			10							15						
GGC	CCC	TTC	ACA	GAT	GTA	GTC	ACT	ACA	AAT	CTT	AAA	TTG	CGA	AAT	CCA	391
Gly	Pro	Phe	Thr	Asp	Val	Val	Thr	Thr	Asn	Leu	Lys	Leu	Arg	Asn	Pro	
20		25							30			35				
TCG	GAT	AGA	AAA	GTG	TGT	TTC	AAA	GTG	AAG	ACT	ACA	GCA	CCT	CGC	CGG	439
Ser	Asp	Arg	Lys	Val	Cys	Phe	Lys	Val	Lys	Thr	Thr	Ala	Pro	Arg	Arg	
40			45							50						
TAC	TGT	GTG	AGG	CCC	AAC	AGT	GGA	ATT	ATT	GAC	CCA	GGG	TCA	ACT	GTG	487
Tyr	Cys	Val	Arg	Pro	Asn	Ser	Gly	Ile	Ile	Asp	Pro	Gly	Ser	Thr	Val	
55			60							65						
ACT	GTT	TCA	GTA	ATG	CTA	CAG	CCC	TTT	GAC	TAT	GAT	CCG	AAT	GAA	AAG	535
Thr	Val	Ser	Val	Met	Leu	Gln	Pro	Phe	Asp	Tyr	Asp	Pro	Asn	Glu	Lys	
70			75							80						
AGT	AAA	CAC	AAG	TTT	ATG	GTA	CAG	ACA	ATT	TTT	GCT	CCA	CCA	AAC	ACT	583
Ser	Lys	His	Lys	Phe	Met	Val	Gln	Thr	Ile	Phe	Ala	Pro	Pro	Asn	Thr	
85			90							95						
ser	Asp	Met	ala	ala	val	trp	lys	ala	ala	lys	pro	asp	ala	leu	met	
100			105							110			115			

GAT TCC AAA TTG AGA TGC GTA TTT GAA ATG CCC AAT GAA AAT GAT AAA			679
Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys			
120	125	130	
TTG AAT GAT ATG GAA CCT AGC AAA GCT GTT CCA CTG AAT GCA TCT AAG			727
Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys			
135	140	145	
CAA GAT GGA CCT ATG CCA AAA CCA CAC AGT GTT TCA CTT AAT GAT ACC			775
Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr			
150	155	160	
GAA ACA AGG AAA CTA ATG GAA GAG TGT AAA AGA CTT CAG GGA GAA ATG			823
Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met			
165	170	175	
ATG AAG CTA TCA GAA GAA AAT CGG CAC CTG AGA GAT GAA GGT TTA AGG			871
Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg			
180	185	190	195
CTC AGA AAG GTA GCA CAT TCG GAT AAA CCT GGA TCA ACC TCA ACT GCA			919
Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala			
200	205	210	
TCC TTC AGA GAT AAT GTC ACC AGT CCT CTT CCT TCA CTT CTT GTT GTA			967
Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val			
215	220	225	
ATT GCA GCC ATT TTC ATT GGA TTC TTT CTA GGG AAA TTC ATC TTG			1012
Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu			
230	235	240	
TAGAGTGAAG CATGCAGAGT GCTGTTCTT TTTTTTTTT TTCTCTTGAC CAGAAAAA			1070
GATTTGTTA CCTACCATT CATTGGTAGT ATGGCCCACG GTGACCATT TTTTGTGTGT			1130
ACAGCGTCAT ATAGGCTTG CCTTTAATGA TCTCTTACGG TTAGAAAACA CAATAAAAAC			1190
AAACTGTTCG GCTACTGGAC AGGTTGTATA TTACCAAGATC ATCACTAGCA GATGTCAGTT			1250
GCACATTGAG TCCTTATGA AATTCAAAA TAAAGAATTG TTCTTCTTT GTGGTTTAA			1310

TAAGAGTTCA AGAATTGTTCA AGAGTCTTGT AAATGTTATT TTAATAATCC CTTAAATTTC	1370
TATCTGTTGC TGTACCTCT TGAAATATGA TTTATTTAGA TTGCTAATCC CACTCATTCA	1430
GGAAATGCCA AGAGGTATTCTTGGGGAAA TGGTGCCTCT TACAGTGTAA ATTTTCCTC	1490
CTTACCTTT GCTAATATCA TGGCAGAATT TTTCTTATCC CTTGTGAGGC AGTTGTTGAC	1550
TGAGTTTTC ATCCTTACAA TCCTGTCCCAGGTATTTAA CATAAAAAAA AATAAAACTG	1610
TTAACAGAT	1619

【0076】

配列番号：24

配列の長さ：1066

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10423

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：65..859

特徴を決定した方法：E

配列

CTTCTTGCTG CCCTCGTTCT TGCCGGGGCC CGCGTTAGTC CCTGCTGGCC ACCCCACTGC	60
GACC ATG TTC GTT CCC TGC GGG GAG TCG GCC CCC GAC CTT GCC GGC TTC	109
Met Phe Val Pro Cys Gly Glu Ser Ala Pro Asp Leu Ala Gly Phe	

Ala Val Asn Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala

Thr Leu Leu Met Pro Ala Val Ser Val Gly Asn Val Gly Gln Leu Ala

20	25	30	
ATG GAT CTG ATT ATT TCT ACA CTG AAT ATG TCT AAG ATT GGT TAC TTC			205
Met Asp Leu Ile Ile Ser Thr Leu Asn Met Ser Lys Ile Gly Tyr Phe			
35	40	45	
TAT ACC GAT TGT CTT GTG CCA ATG GTT GGA AAC AAT CCA TAT GCG ACC			253
Tyr Thr Asp Cys Leu Val Pro Met Val Gly Asn Asn Pro Tyr Ala Thr			
50	55	60	
ACA GAA GGA AAT TCA ACA GAA CTT AGC ATA AAT GCT GAA GTG TAT TCA			301
Thr Glu Gly Asn Ser Thr Glu Leu Ser Ile Asn Ala Glu Val Tyr Ser			
65	70	75	
TTG CCT TCA AGA AAG CTG GTG GCT CTA CAG TTA AGA TCC ATT TTT ATT			349
Leu Pro Ser Arg Lys Leu Val Ala Leu Gln Leu Arg Ser Ile Phe Ile			
80	85	90	95
AAG TAT AAA TCA AAG CCA TTC TGT GAA AAA CTG CTT TCC TGG GTG AAA			397
Lys Tyr Lys Ser Lys Pro Phe Cys Glu Lys Leu Leu Ser Trp Val Lys			
100	105	110	
AGC AGT GGC TGT GCC AGA GTC ATT GTT CTT TCG AGC AGT CAT TCA TAT			445
Ser Ser Gly Cys Ala Arg Val Ile Val Leu Ser Ser Ser His Ser Tyr			
115	120	125	
CAG CGT AAT GAT CTG CAG CTT CGT AGT ACT CCC TTC CCG TAC CTA CTT			493
Gln Arg Asn Asp Leu Gln Leu Arg Ser Thr Pro Phe Arg Tyr Leu Leu			
130	135	140	
ACA CCT TCC ATG CAA AAA AGT GTT CAA AAT AAA ATA AAG AGC CTT AAC			541
Thr Pro Ser Met Gln Lys Ser Val Gln Asn Lys Ile Lys Ser Leu Asn			
145	150	155	
TGG GAA GAA ATG GAA AAA AGC CGG TGC ATT CCT GAA ATA GAT GAT TCC			589
Trp Glu Glu Met Glu Lys Ser Arg Cys Ile Pro Glu Ile Asp Asp Ser			
160	165	170	175
GAG TTT TGT ATC CGC ATT CCG GGA GGA GGT ATC ACA AAA ACA CTC TAT			637

Glu	Phe	Cys	Ile	Arg	Ile	Pro	Gly	Gly	Ile	Thr	Lys	Thr	Leu	Tyr			
180							185				190						
GAT	GAA	AGC	TGT	TCT	AAA	GAA	ATC	CAA	ATG	GCA	GTT	CTG	CTG	AAA	TTT	685	
Asp	Glu	Ser	Cys	Ser	Lys	Glu	Ile	Gln	Met	Ala	Val	Leu	Leu	Lys	Phe		
195							200				205						
GTT	TCA	GAA	GGG	GAC	AAC	ATC	CCA	GAT	GCA	TTA	GGT	CTT	GTT	GAG	TAT	733	
Val	Ser	Glu	Gly	Asp	Asn	Ile	Pro	Asp	Ala	Leu	Gly	Leu	Val	Glu	Tyr		
210							215				220						
CTT	AAT	GAG	TGG	CTT	CAG	ATA	CTC	AAA	CCA	CTT	AGC	GAT	GAC	CCC	ACA	781	
Leu	Asn	Glu	Trp	Leu	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Leu	Ser	Asp	Asp	Pro	Thr		
225							230				235						
GTA	TCT	GCC	TCA	CGG	TGG	AAA	ATA	CCA	AGT	TCT	TGG	AGA	TTA	CTC	TTT	829	
Val	Ser	Ala	Ser	Arg	Trp	Lys	Ile	Pro	Ser	Ser	Trp	Arg	Leu	Leu	Phe		
240							245				250			255			
GGC	AGT	GGT	CTT	CCC	CCT	GCA	CTT	TTC	TGATCTAATT	TCTGTTTAT	ACCT				880		
Gly	Ser	Gly	Leu	Pro	Pro	Ala	Leu	Phe									
260																	
TATA	CCCC	AAA	ACACTT	ACTA	CCA	ACACAGC	TGTT	AAACAT	TCT	TAT	ACAAA	AAA	ATT	TGT	TAT	940	
GAT	CTGG	TAT	TAGG	AAATT	TA	CTTC	CACAGT	AAAT	ATCAAA	GA	AAAAA	AGAT	TA	AGGG	TCTC	1000	
TTT	GCC	CATGC	TTT	CATCAT	ATG	CAC	AAA	TG	AAATT	TT	GT	ACA	ATA	AA	ATTT	ATTTC	1060
CTA	AGT															1066	

【0077】

配列番号：25

配列の長さ：618

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

配列の種類：DNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10506

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：54..392

特徴を決定した方法：E

配列

GTTCACGCCA GTTTGAACCA AAGACGCCA AGGTTGAGGC CGAGTTCCAG AGC ATG	56		
	Met		
	1		
GGG TCT CGG TTG TCC CAG CCT TTT GAG TCC TAT ATC ACT GCG CCT CCC	104		
Gly Ser Arg Leu Ser Gln Pro Phe Glu Ser Tyr Ile Thr Ala Pro Pro			
5	10	15	
GGT ACC GCC GCC GCG CCC GCC AAA CCT GCG CCC CCA GCT ACA CCC GGA	152		
Gly Thr Ala Ala Ala Pro Ala Lys Pro Ala Pro Pro Ala Thr Pro Gly			
20	25	30	
GCG CCG ACC TCC CCA GCA GAA CAC CGC CTG TTG AAG ACC TGC TGG AGC	200		
Ala Pro Thr Ser Pro Ala Glu His Arg Leu Leu Lys Thr Cys Trp Ser			
35	40	45	
TGT CGC GTG CTT TCT GGG TTG GGG CTG ATG GGG GCG GGC GGG TAC GTG	248		
Cys Arg Val Leu Ser Gly Leu Gly Leu Met Gly Ala Gly Gly Tyr Val			
50	55	60	65
TAC TGG GTG GCA CGG AAG CCC ATG AAG ATG GGA TAC CCC CCG AGT CCA	296		
Tyr Trp Val Ala Arg Lys Pro Met Lys Met Gly Tyr Pro Pro Ser Pro			
70	75	80	
TGG ACC ATT ACG CAG ATG GTC ATC GGC CTC AGC ATT GCC ACC TGG GGT	344		
Trp Thr Ile Thr Gln Met Val Ile Gly Leu Ser Ile Ala Thr Trp Gly			
85	90	95	

ATC GTT GTC ATG GCA GAC CCC AAA GGG AAG GCC TAC CGC GTT GTT T	390	
Ile Val Val Met Ala Asp Pro Lys Gly Lys Ala Tyr Arg Val Val		
100	105	110
GAAAGTACCA CCAGTGAATC TGTCTCTGT CTCTGTCCCT TTCCCCGTGA CACACACAGC	450	
AGGCATGGAA TTTAATGGGT GTTCTGGACA GACACTTGTA CATGGACAGA CATCACTACT	510	
GTGGATACTA CAAGACTGAG AAGAAAATCG TATGTTGTCA TTCTCTGGCT ATGGAGTGT	570	
TGTGGCCTTC ACAGATTCA CAGGAACCAA TAAATCCCTC AGAGAAGT	618	

【0078】

配列番号：26

配列の長さ：1021

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローニ名：HP10507

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：413..853

特徴を決定した方法：E

配列

AAGACTATAA GCCCCAGCGG GCGACGACCG AACGCCCGG GGAACACCCG GCCCCGAGCT	60
CGGTCCCGCG CCCGAGGATC CTCCACGGGG CTAGATGGCT GCGTCGGGGG CGGGAGCGGA	120
GGTGAGCGGG CGCTAGGGCC GCGAGCCCCC GCCGGCCCTT CCTCCAGCGC CCTGCGGACC	180

CGGGAGGAGGAACTGATAGAATTTGTTTAAAGGAAAGGTTTGTGTTAA	360
CCTGGAACCT CTGGGAGGGC TGCGAGTAA GTGCCGCCTC TGCGCTCCGA CGGAGGCACG	

135

140

145

TAGCTACATT CCACCCTTGT ATCCTGGTC TTAGAGACCC TATCTCAGAC AGTGAAAGTG 910
 AAATGGACTG ATTTGCACTC TTGGTTCTTT GGAGCCTTGT GGTGGAATCC CCTTTTCCCC 970
 ATCTTCTTCT TTCAGATCAT TAATGAGCAG AATAAAAAGA GTAAAAATGGT T 1021

【0079】

配列番号：27

配列の長さ：1432

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10548

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：331..1365

特徴を決定した方法：E

配列

ATCGCGCCCG GGAGGCGCCG GAGCCCAGCG GCTGGCGGGC CGCCGTCCCC CCCCCCACCTC 60
 GCCCGAGTCC GGGGCGGCCG CGGTGTCCCC TCCGAGCCTG CTGCACTCCA CGTCCCCCTA 120
 CCAGGGCTCC AGCCCCCAGG GAAATCTCCG ACCAGGCCCG CCCAGGAGCC AGATCCAGGC 180
 TCCTGGAAGA ACCATGTCCG GCAGCTACTG GTCATGCCAG GCACACACTG CTGCCCAAGA 240
 GGAGCTGCTG TTTGAATTAT CTGTGAATGT TGGGAAGAGG AATGCCAGAG CTGCCGGCTG 300
 AAAATTACCC AACCAAGAGA AATCTGCAGG ATG GAC TTT CTG GTC CTC TTC TTG 354

TTC TAC CTG GCT TCG GTG CTG ATG GGT CTT GTT CTT ATC TGC GTC TGC 402

Phe Tyr Leu Ala Ser Val Leu Met Gly Leu Val Leu Ile Cys Val Cys
 10 15 20

TCG AAA ACC CAT AGC TTG AAA GGC CTG GCC AGG GGA GCA CAG ATA 450
 Ser Lys Thr His Ser Leu Lys Gly Leu Ala Arg Gly Ala Gln Ile
 25 30 35 40

TTT TCC TGT ATA ATT CCA GAA TGT CTT CAG AGA GCC GTG CAT GGA TTG 498
 Phe Ser Cys Ile Ile Pro Glu Cys Leu Gln Arg Ala Val His Gly Leu
 45 50 55

CTT CAT TAC CTT TTC CAT ACG AGA AAC CAC ACC TTC ATT GTC CTG CAC 546
 Leu His Tyr Leu Phe His Thr Arg Asn His Thr Phe Ile Val Leu His
 60 65 70

CTG GTC TTG CAA GGG ATG GTT TAT ACT GAG TAC ACC TGG GAA GTA TTT 594
 Leu Val Leu Gln Gly Met Val Tyr Thr Glu Tyr Thr Trp Glu Val Phe
 75 80 85

GGC TAC TGT CAG GAG CTG GAG TTG TCC TTG CAT TAC CTT CTT CTG CCC 642
 Gly Tyr Cys Gln Glu Leu Glu Leu Ser Leu His Tyr Leu Leu Pro
 90 95 100

TAT CTG CTG CTA GGT GTA AAC CTG TTT TTT TTC ACC CTG ACT TGT GGA 690
 Tyr Leu Leu Leu Gly Val Asn Leu Phe Phe Thr Leu Thr Cys Gly
 105 110 115 120

ACC AAT CCT GGC ATT ATA ACA AAA GCA AAT GAA TTA TTA TTT CTT CAT 738
 Thr Asn Pro Gly Ile Ile Thr Lys Ala Asn Glu Leu Leu Phe Leu His
 125 130 135

GTT TAT GAA TTT GAT GAA GTG ATG TTT CCA AAG AAC GTG AGG TGC TCT 786
 Val Tyr Glu Phe Asp Glu Val Met Phe Pro Lys Asn Val Arg Cys Ser
 140 145 150

ACT TGT GAT TTA AGG AAA CCA GCT CGA TCC AAG CAC TGC AGT GTG TGT 834
 Thr Cys Asp Leu Arg Lys Pro Ala Arg Ser Lys His Cys Ser Val Cys
 155 160 165

AAC TGG TGT GTG CAC CGT TTC GAC CAT CAC TGT GTG AAC AAC		882
Asn Trp Cys Val His Arg Phe Asp His His Cys Val Trp Val Asn Asn		
170	175	180
TGC ATC GGG GCC TGG AAC ATC AGG TAC TTC CTC ATC TAC GTC TTG ACC		930
Cys Ile Gly Ala Trp Asn Ile Arg Tyr Phe Leu Ile Tyr Val Leu Thr		
185	190	195
TTG ACG GCC TCG GCT GCC ACC GTC GCC ATT GTG AGC ACC ACT TTT CTG		978
Leu Thr Ala Ser Ala Ala Thr Val Ala Ile Val Ser Thr Thr Phe Leu		
205	210	215
GTC CAC TTG GTG GTG ATG TCA GAT TTA TAC CAG GAG ACT TAC ATC GAT		1026
Val His Leu Val Val Met Ser Asp Leu Tyr Gln Glu Thr Tyr Ile Asp		
220	225	230
GAC CTT GGA CAC CTC CAT GTT ATG GAC ACG GTC TTT CTT ATT CAG TAC		1074
Asp Leu Gly His Leu His Val Met Asp Thr Val Phe Leu Ile Gln Tyr		
235	240	245
CTG TTC CTG ACT TTT CCA CGG ATT GTC TTC ATG CTG GGC TTT GTC GTG		1122
Leu Phe Leu Thr Phe Pro Arg Ile Val Phe Met Leu Gly Phe Val Val		
250	255	260
GTT CTG AGC TTC CTC CTG GGT GGC TAC CTG TTG TTT GTC CTG TAT CTG		1170
Val Leu Ser Phe Leu Leu Gly Gly Tyr Leu Leu Phe Val Leu Tyr Leu		
265	270	275
GGC GCC ACC AAC CAG ACT ACT AAC GAG TGG TAC AGA GGT GAC TGG GCC		1218
Ala Ala Thr Asn Gln Thr Thr Asn Glu Trp Tyr Arg Gly Asp Trp Ala		
285	290	295
TGG TGC CAG CGT TGT CCC CTT GTG GCC TGG CCT CCG TCA GCA GAG CCC		1266
Trp Cys Gln Arg Cys Pro Leu Val Ala Trp Pro Pro Ser Ala Glu Pro		

AA Val AA Arg AA AA Val AA AA Val AA Gln Val AA Val AA
 Gln Val His Arg Asn Ile His Ser His Gly Leu Arg Ser Asn Leu Gln

315	320	325	
GAG ATC TTT CTA CCT GCC TTT CCA TGT CAT GAG AGG AAG AAA CAA GAA			1362
Glu Ile Phe Leu Pro Ala Phe Pro Cys His Glu Arg Lys Lys Gln Glu			
330	335	340	
TGACAAAGTGT ATGACTGCCT TTGAGCTGTA GTTCCCGTTT ATTTACACAT GTGGATCC			1420
TCGTTTCCA AG			1432

【0080】

配列番号：28

配列の長さ：601

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10566

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：62..355

特徴を決定した方法：E

配列

ATGCGCACAT AGCGACTTGG TGGGCGCGTC CAGTGATGAC TGGGGGATCC CGGCAAGTAA	60		
C ATG ACT AAA AAG AAG CGG GAG AAT CTG GGC GTC GCT CTA GAG ATC GAT	109		
Met Thr Lys Lys Lys Arg Glu Asn Leu Gly Val Ala Leu Glu Ile Asp			
1	5	10	15
GGG CTA GAG GAG AAG CTG TCC CAG TGT CGG AGA GAC CTG GAG GCC GTG	157		
Gly Leu Glu Glu Lys Leu Ser Gln Cys Arg Arg Asp Leu Glu Ala Val			
20	25	30	

AAC TCC AGA CTC CAC AGC CGG GAG CTG AGC CCA GAG GCC AGG AGG TCC	205		
Asn Ser Arg Leu His Ser Arg Glu Leu Ser Pro Glu Ala Arg Arg Ser			
35	40	45	
CTG GAG AAG GAG AAA AAC AGC CTA ATG AAC AAA GCC TCC AAC TAC GAG	253		
Leu Glu Lys Glu Lys Asn Ser Leu Met Asn Lys Ala Ser Asn Tyr Glu			
50	55	60	
AAG GAA CTG AAG TTT CTT CGG CAA GAG AAC CGG AAG AAC ATG CTG CTC	301		
Lys Glu Leu Lys Phe Leu Arg Gln Glu Asn Arg Lys Asn Met Leu Leu			
65	70	75	80
TCT GTG GCC ATC TTT ATC CTC CTG ACG CTC GTC TAT GCC TAC TGG ACC	349		
Ser Val Ala Ile Phe Ile Leu Leu Thr Leu Val Tyr Ala Tyr Trp Thr			
85	90	95	
ATG TGAGCCTGGC ACTTCCCCAC AACAGCACA GGCTTCCACT TGGCCCCT	400		
Met			

TGATCAGGAT CAAGCAGGCA CTTCAAGCCT CAATAGGACC AAGGTGCTGG GGTGTTCCCC	460
TCCCAACCTA GTGTTCAAGC ATGGCTTCCT GGCGGCCAG GCCTTGCCTC CCTGGCCTGC	520
TGGGGGGTTC CGGGTCTCCA GAAGGACATG GTGCTGGTCC CTCCCTTAGC CCAAGGGAGA	580
GGCAATAAAG ACACAAAGCT G	601

【0081】

配列番号：29

配列の長さ：585

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

生物名：小モルガビス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10567

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：78..452

特徴を決定した方法：E

配列

ACTAACCTCT	GCCTGCAGC	CGCGAGGGCG	CGCGGGAAAT	CCCGAGTGCA	TCTGGAATAC	60
GCAGAGTCAG	TAAGACC	ATG GCT ACG TCC	TCG ATG TCT	AAG GGT TGC	TTT	110
		Met Ala Thr Ser Ser	Met Ser Lys	Gly Cys Phe		
1		5		10		
GTT TTT AAG CCA AAC TCC AAA AAG AGA AAG ATC	TCT CTG CCA ATA GAG					158
Val Phe Lys Pro Asn Ser Lys Lys Arg Lys Ile	Ser Leu Pro Ile Glu					
15		20		25		
GAC TAT TTT AAC AAA GGG AAA AAT GAG CCT GAG GAC	AGT AAG CTT CGA					206
Asp Tyr Phe Asn Lys Gly Asn Glu Pro Glu Asp Ser	Lys Leu Arg					
30		35		40		
TTC GAA ACT TAT CAG TTG ATA TGG CAG CAG ATG AAA	TCT GAA AAT GAG					254
Phe Glu Thr Tyr Gln Leu Ile Trp Gln Gln Met Lys	Ser Glu Asn Glu					
45		50		55		
CGA CTA CAA GAG GAA TTA AAT AAA AAC TTG TTT GAC	AAT CTG ATT GAA					302
Arg Leu Gln Glu Leu Asn Lys Asn Leu Phe Asp Asn	Leu Ile Glu					
60		65		70		75
TTT CTG CAA AAA TCA CAT TCT GGA TTC CAG AAG AAT	TCA AGA GAC TTG					350
Phe Leu Gln Lys Ser His Ser Gly Phe Gln Lys Asn Ser	Arg Asp Leu					
80		85		90		
GGC GGT CAA ATA AAA CTC AGA GAA ATT CCA ACT GCT	GCT CTT GTT CTT					398
Gly Gly Gln Ile Lys Leu Arg Glu Ile Pro Thr Ala	Ala Leu Val Leu					
95		100		105		
GGT ATA TAT GCG TAT GTT TGT TCA TGC ATG CAT CTC	TGT GTA TTT CGT					446

Gly Ile Tyr Ala Tyr Val Cys Ser Cys Met His Leu Cys Val Phe Arg

110

115

120

TTT TAAATTTTT TTTATTGTTG AGAATAGTGG AAGGACCTGT TTTGATGAGC C 500

Phe

TATTTGTCT CTCTTATTTG TACAATTAAA CCAACTATAG TTTATATTAC ATATTTCAA 560

AAACCAATAA AAATTCCCTTA TCTTT 585

【0082】

配列番号：30

配列の長さ：1100

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10568

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：57..1040

特徴を決定した方法：E

配列

AGACCGACCT TGACCGCCCA CCTGGCAGGA GCAGGACAGG ACGGCCGGAC GCGGCC ATG 59

Met

1

Gly Ile Tyr Ala Tyr Val Cys Ser Cys Met His Leu Cys Val Phe Arg

5

10

15

TGC CTG AGT GGG CTG GCC GTG GAG GTG AAG GTA CCC ACA GAG CCG CTG		155	
Cys Leu Ser Gly Leu Ala Val Glu Val Lys Val Pro Thr Glu Pro Leu			
20	25	30	
AGC ACG CCC CTG GGG AAG ACA GCC GAG CTG ACC TGC ACC TAC AGC ACG		203	
Ser Thr Pro Leu Gly Lys Thr Ala Glu Leu Thr Cys Thr Tyr Ser Thr			
35	40	45	
TCG GTG GGA GAC AGC TTC GCC CTG GAG TGG AGC TTT GTG CAG CCT GGG		251	
Ser Val Gly Asp Ser Phe Ala Leu Glu Trp Ser Phe Val Gln Pro Gly			
50	55	60	65
AAA CCC ATC TCT GAG TCC CAT CCA ATC CTG TAC TTC ACC AAT GGC CAT		299	
Lys Pro Ile Ser Glu Ser His Pro Ile Leu Tyr Phe Thr Asn Gly His			
70	75	80	
CTG TAT CCA ACT GGT TCT AAG TCA AAG CGG GTC AGC CTG CTT CAG AAC		347	
Leu Tyr Pro Thr Gly Ser Lys Arg Val Ser Leu Leu Gln Asn			
85	90	95	
CCC CCC ACA GTG GGG GTG GCC ACA CTG AAA CTG ACT GAC GTC CAC CCC		395	
Pro Pro Thr Val Gly Val Ala Thr Leu Lys Leu Thr Asp Val His Pro			
100	105	110	
TCA GAT ACT GGA ACC TAC CTC TGC CAA GTC AAC AAC CCA CCA GAT TTC		443	
Ser Asp Thr Gly Thr Tyr Leu Cys Gln Val Asn Asn Pro Pro Asp Phe			
115	120	125	
TAC ACC AAT GGG TTG GGG CTA ATC AAC CTT ACT GTG CTG GTT CCC CCC		491	
Tyr Thr Asn Gly Leu Gly Leu Ile Asn Leu Thr Val Leu Val Pro Pro			
130	135	140	145
AGT AAT CCC TTA TGC AGT CAG AGT GGA CAA ACC TCT GTG GGA GGC TCT		539	
Ser Asn Pro Leu Cys Ser Gln Ser Gly Gln Thr Ser Val Gly Gly Ser			
150	155	160	
ACT GCA CTG AGA TGC AGC TCT TCC GAG GGG GCT CCT AAG CCA GTG TAC		587	
Thr Ala Leu Arg Cys Ser Ser Glu Gly Ala Pro Lys Pro Val Tyr			

特平10-208820

	165	170	175	
AAC TGG GTG CGT CTT GGA ACT TTT CCT ACA CCT TCT CCT GCC AGC ATG				635
Asn Trp Val Arg Leu Gly Thr Phe Pro Thr Pro Ser Pro Gly Ser Met				
180	185	190		
GTT CAA GAT GAG GTG TCT GGC CAG CTC ATT CTC ACC AAC CTC TCC CTG				683
Val Gln Asp Glu Val Ser Gly Gln Leu Ile Leu Thr Asn Leu Ser Leu				
195	200	205		
ACC TCC TCG GGC ACC TAC CGC TGT GTG GCC ACC AAC CAG ATG GGC AGT				731
Thr Ser Ser Gly Thr Tyr Arg Cys Val Ala Thr Asn Gln Met Gly Ser				
210	215	220	225	
GCA TCC TGT GAG CTG ACC CTC TCT GTG ACC GAA CCC TCC CAA GGC CGA				779
Ala Ser Cys Glu Leu Thr Leu Ser Val Thr Glu Pro Ser Gln Gly Arg				
230	235	240		
GTG GCC GGA GCT CTG ATT GGG GTG CTC CTG GGC GTG CTG TTG CTG TCA				827
Val Ala Gly Ala Leu Ile Gly Val Leu Leu Gly Val Leu Leu Ser				
245	250	255		
GTT GCT GCG TTC TGC CTG GTC AGG TTC CAG AAA GAG AGG GGG AAG AAG				875
Val Ala Ala Phe Cys Leu Val Arg Phe Gln Lys Glu Arg Gly Lys Lys				
260	265	270		
CCC AAG GAG ACA TAT GGG GGT AGT GAC CTT CGG GAG GAT GCC ATC GCT				923
Pro Lys Glu Thr Tyr Gly Ser Asp Leu Arg Glu Asp Ala Ile Ala				
275	280	285		
CCT GGG ATC TCT GAG CAC ACT TGT ATG AGG GCT GAT TCT AGC AAG GGG				971
Pro Gly Ile Ser Glu His Thr Cys Met Arg Ala Asp Ser Ser Lys Gly				
290	295	300	305	
TTC CTG GAA AGA CCC TCG TCT GCC AGC ACC GTG ACG ACC ACC AAG TCC				1019
AAG CTC CCT ATG GTC GTG TGACTTCTCC CGATCCCTGA GGGCGGTGAG GGG				1070

Lys Leu Pro Met Val Val

325

GAATATCAAT AATTAAAGTC TGTGGGTACC

1100

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP01550がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP02593がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP10195がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10423がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10506がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10507がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10548がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10566がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

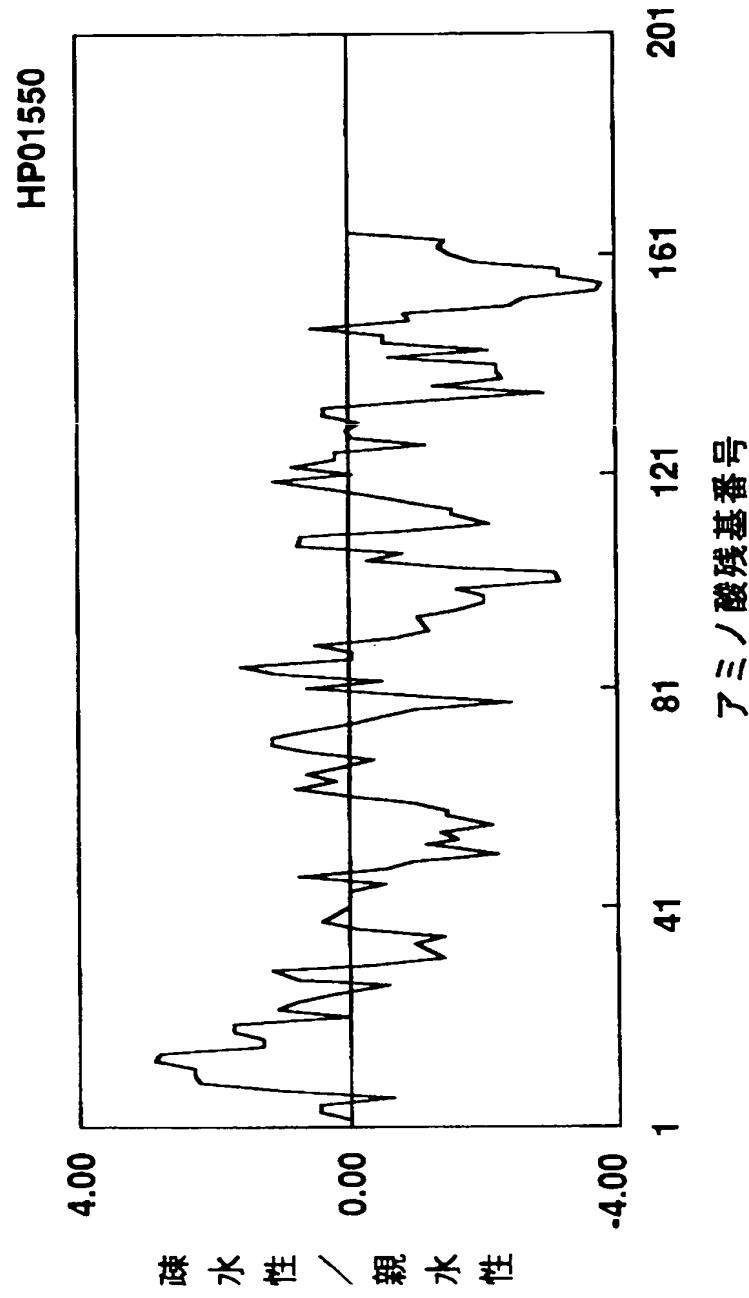
【図9】 クローンHP10567がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図10】 クローンHP10568がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

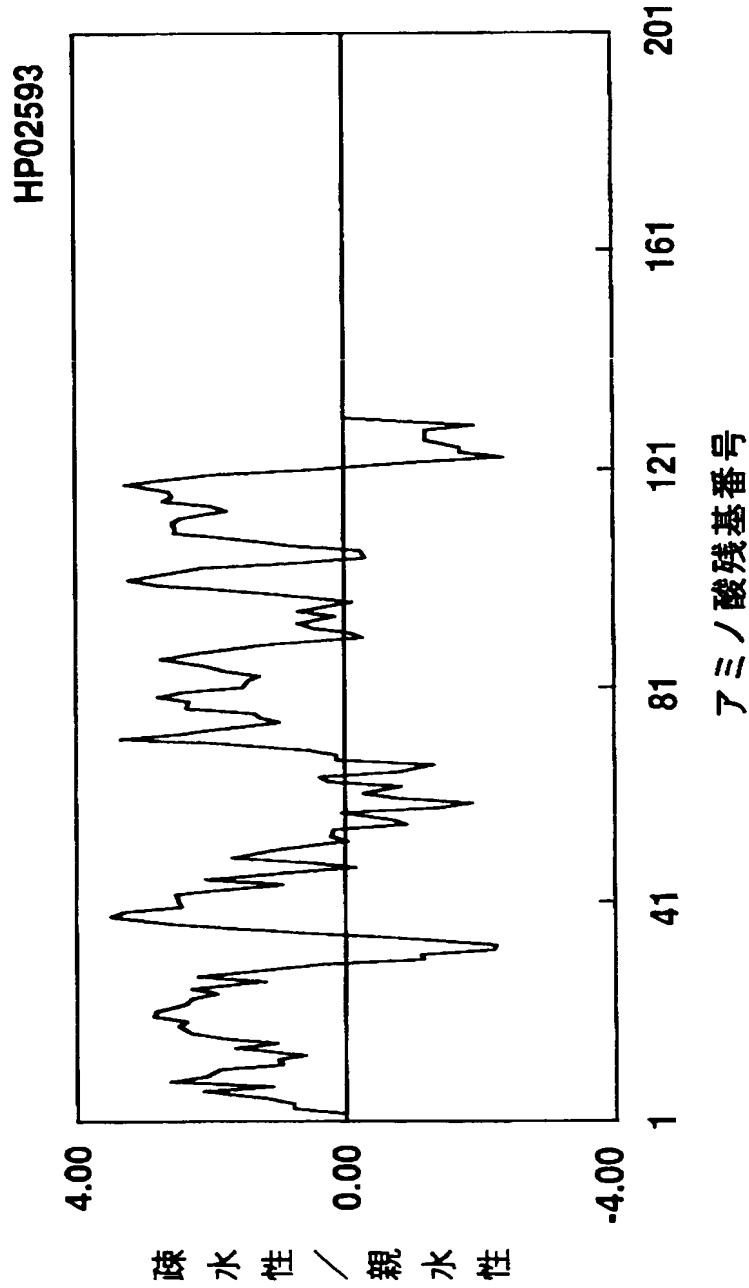
【書類名】

図面

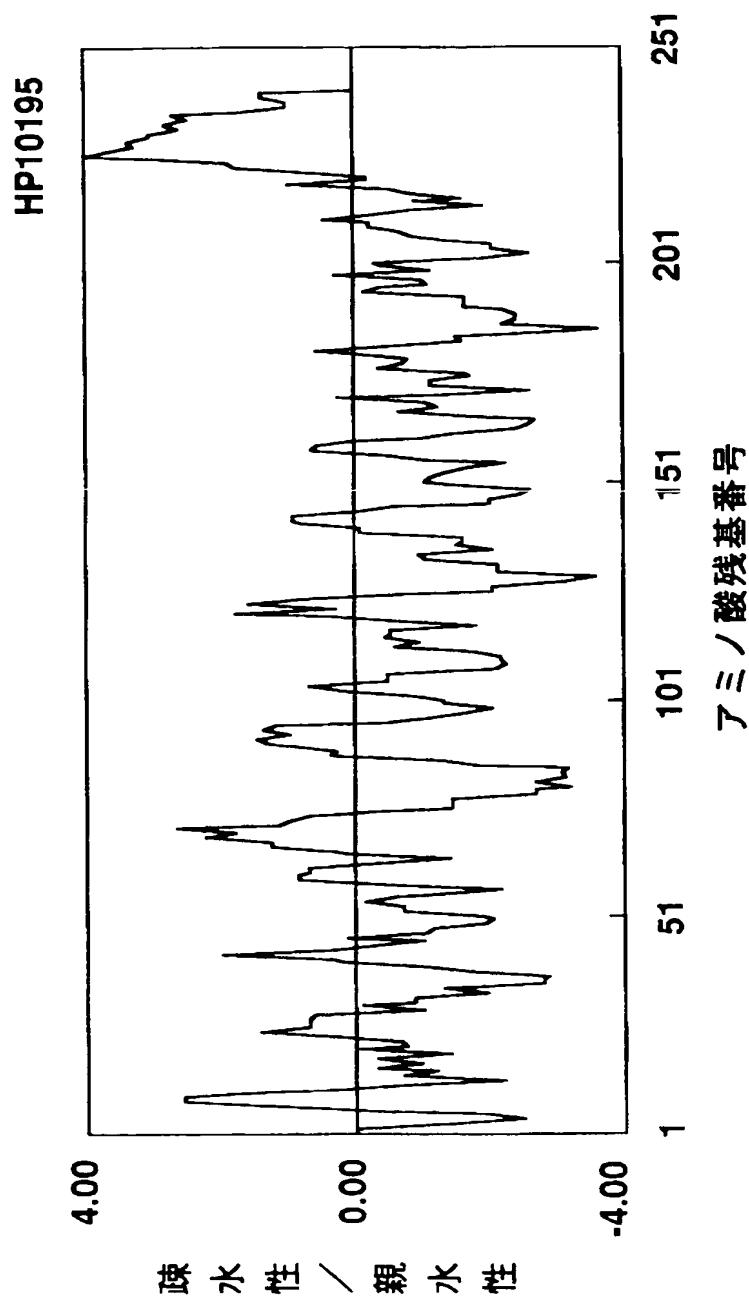
【図1】



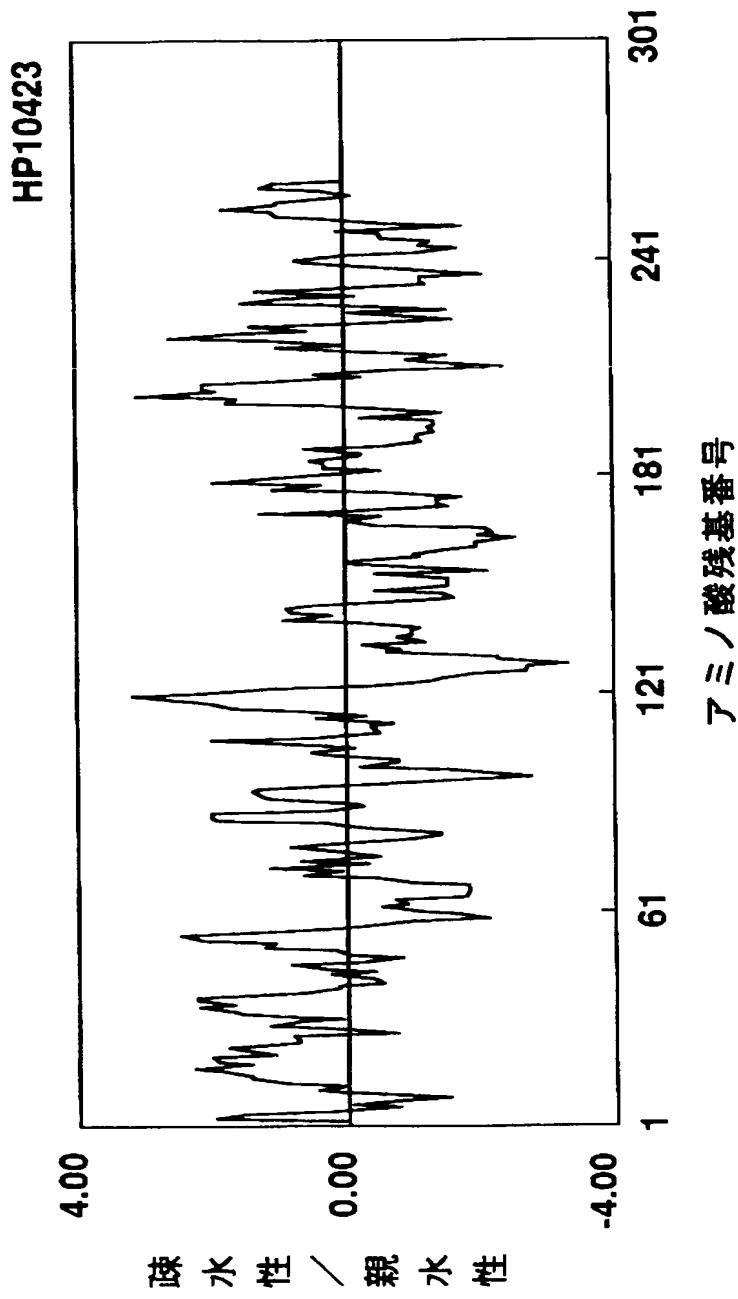
【図2】



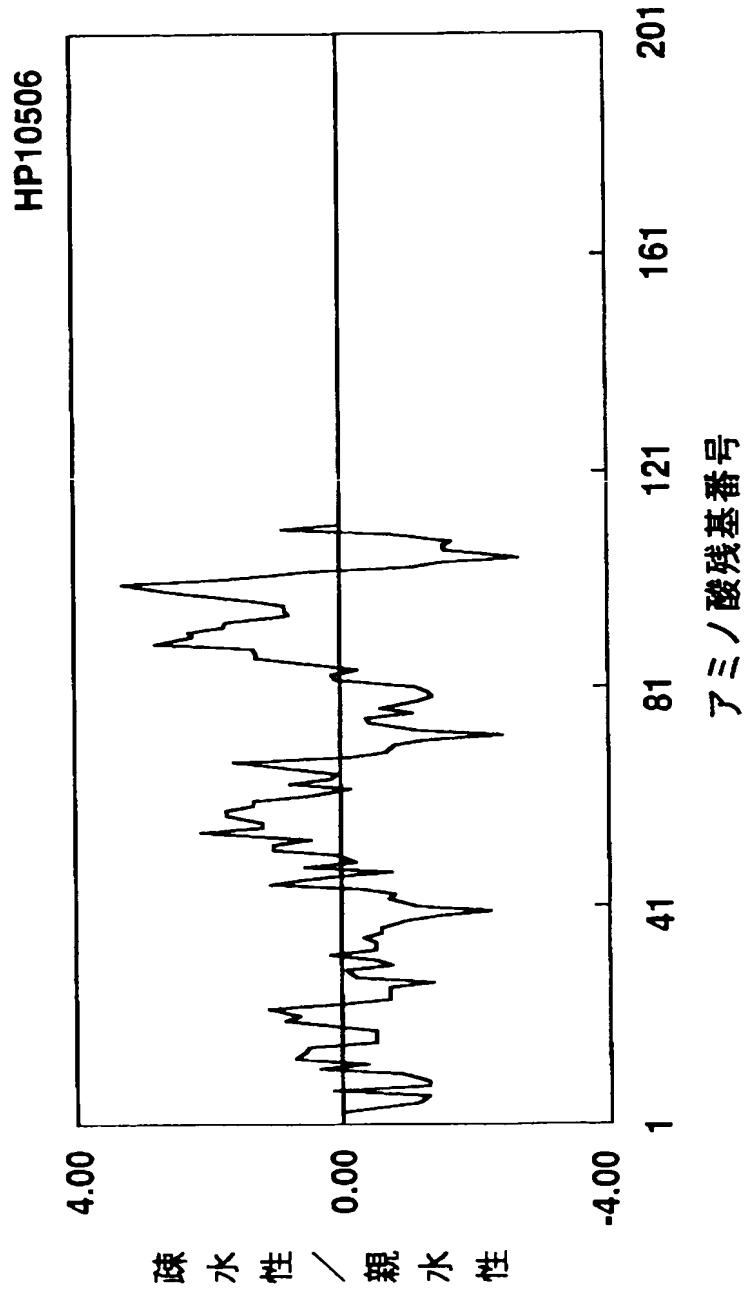
【図3】



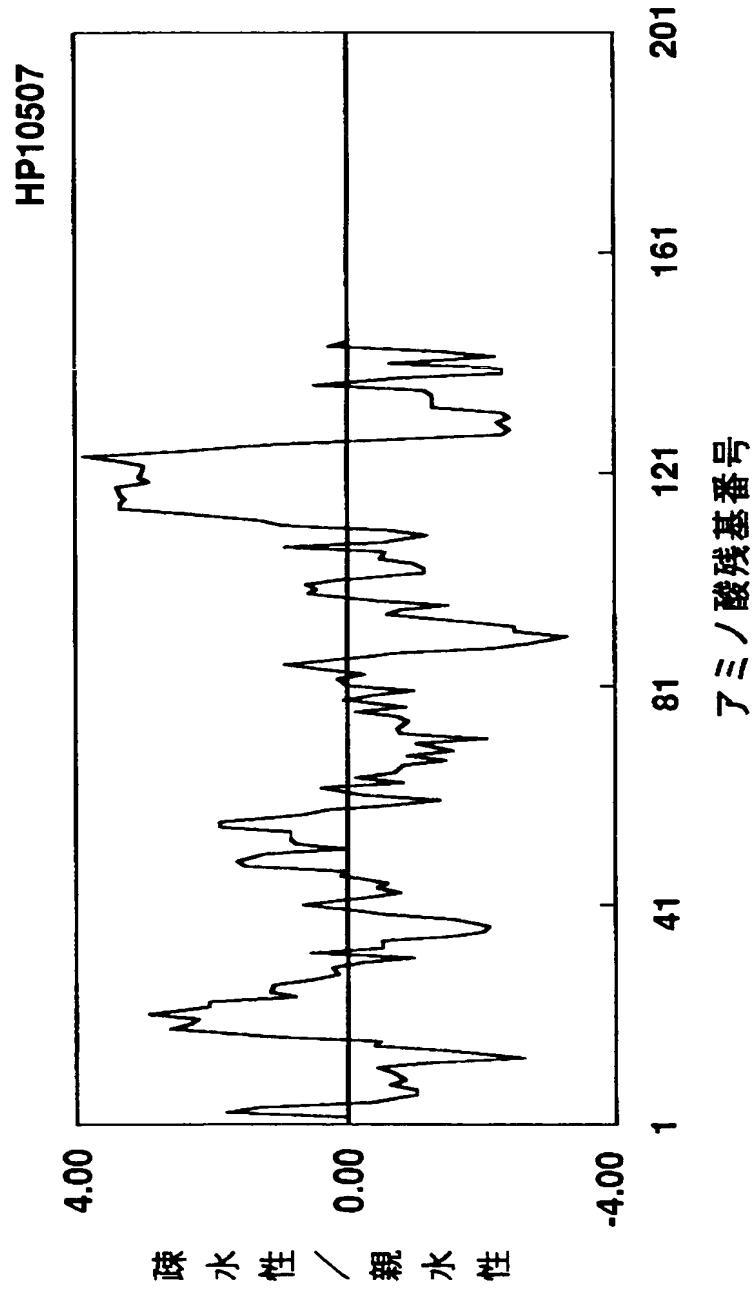
【図4】



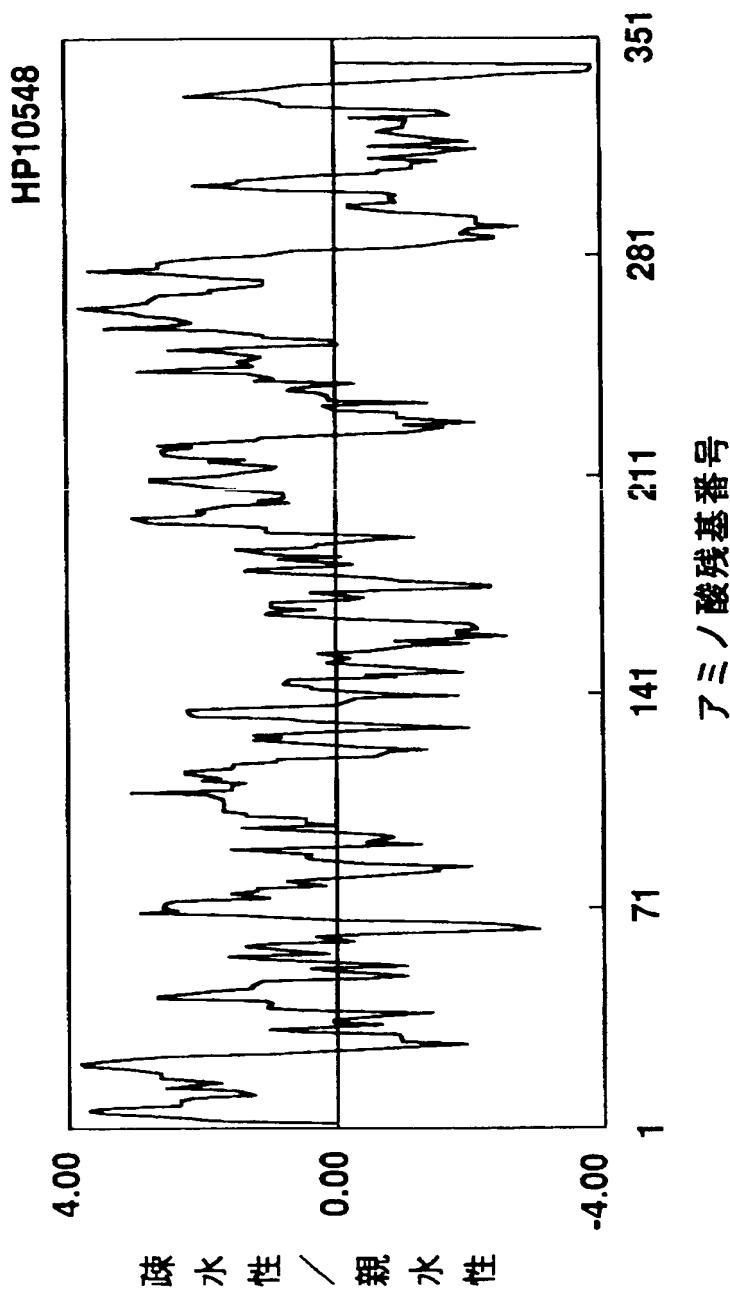
【図5】



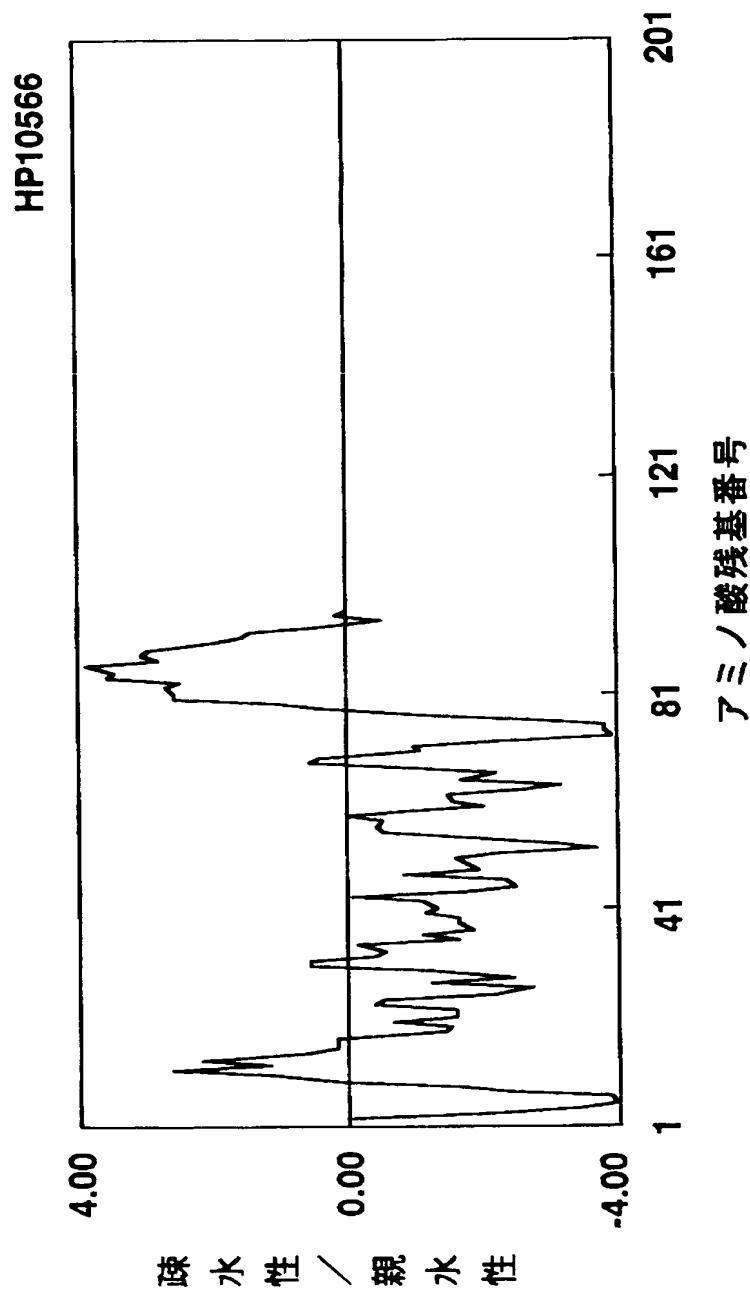
【図 6】



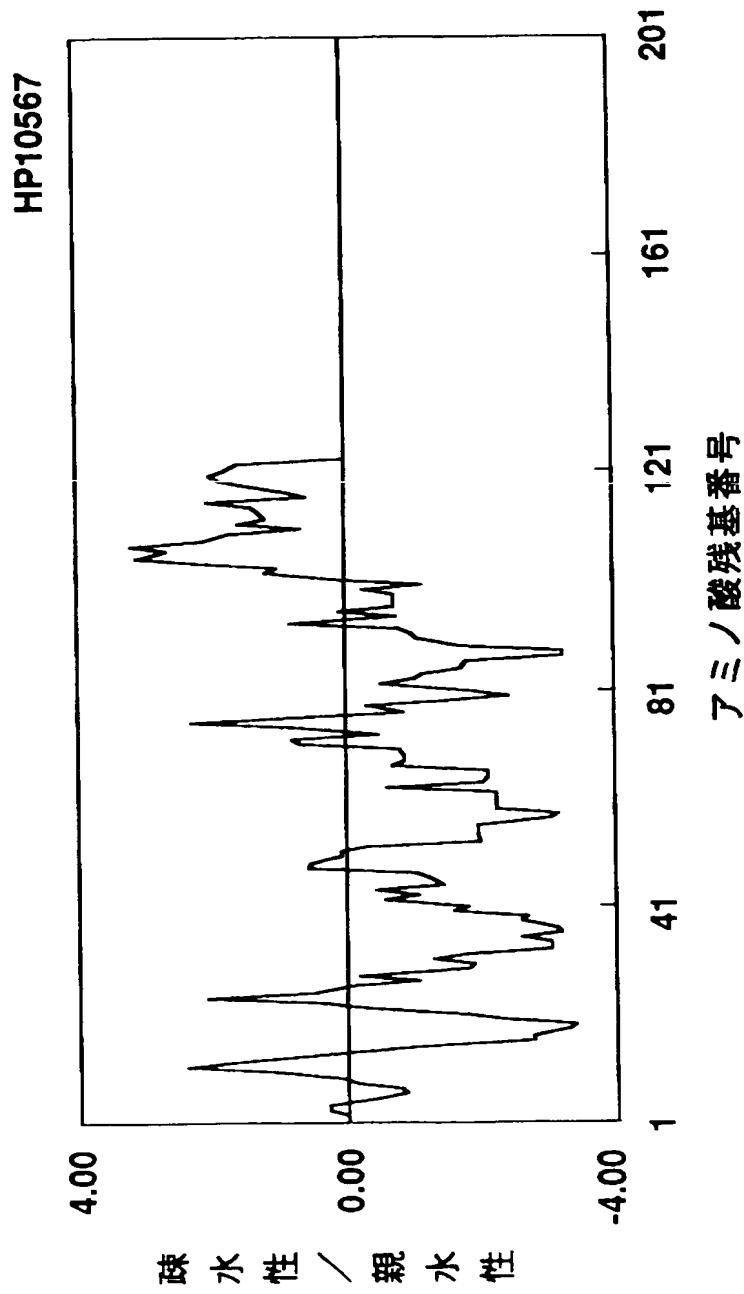
【図7】



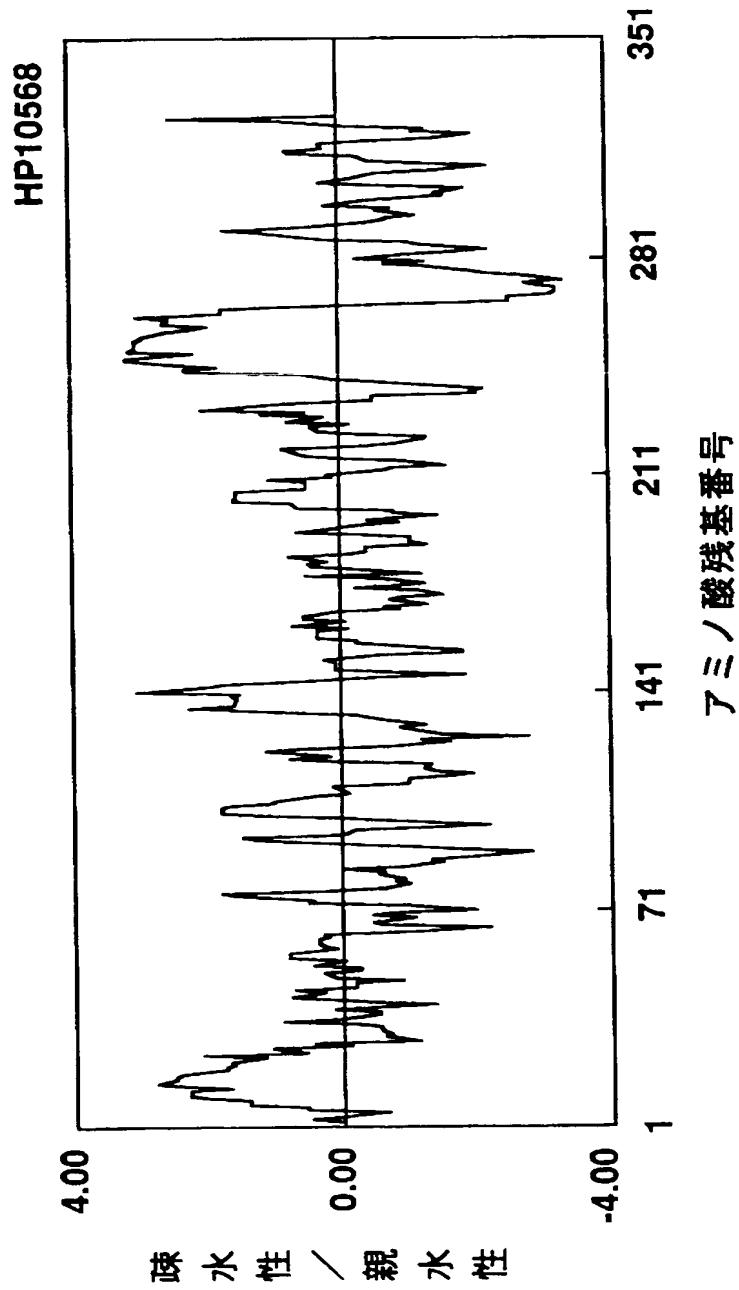
【図8】



【図9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているcDNA、このcDNAの発現ベクター、およびこのcDNAを発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号11から配列番号20で表される塩基配列を含むcDNA、このcDNAの発現ベクター、およびこのcDNAを発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしているcDNAの組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】 職権訂正データ
【訂正書類】 特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】 申請人
【識別番号】 000173762
【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】
【識別番号】 596134998
【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

出願人履歴情報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日

[変更理由] 住所変更

住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名 財団法人相模中央化学研究所

出願人履歴情報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名 株式会社プロテジーン